



Europäisches
Patentamt

European
Patent Office

Office européen
des brevets

Bescheinigung

Certificate

Attestation

REC'D 14 JAN 2000

WIPO

POT

Die angehefteten Unterlagen stimmen mit der ursprünglich eingereichten Fassung der auf dem nächsten Blatt bezeichneten europäischen Patentanmeldung überein.

The attached documents are exact copies of the European patent application described on the following page, as originally filed.

Les documents fixés à cette attestation sont conformes à la version initialement déposée de la demande de brevet européen spécifiée à la page suivante.

Patentanmeldung Nr. Patent application No. Demande de brevet n°

03090325.6

PRIORITY DOCUMENT

SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

Der Präsident des Europäischen Patentamts;
Im Auftrag

For the President of the European Patent Office

Le Président de l'Office européen des brevets
p.o.

R C van Dijk

BEST AVAILABLE COPY



Anmeldung Nr:
Application no.: 03090325.6
Demande no:

Anmeldetag:
Date of filing: 30.09.03
Date de dépôt:

Anmelder/Applicant(s)/Demandeur(s):

Bayer CropScience GmbH
Brüningstrasse 50
65929 Frankfurt/Main
ALLEMAGNE

Bezeichnung der Erfindung/Title of the invention/Titre de l'invention:
(Falls die Bezeichnung der Erfindung nicht angegeben ist, siehe Beschreibung.
If no title is shown please refer to the description.
Si aucun titre n'est indiqué se referer à la description.)

Pflanzen mit verringelter Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3

In Anspruch genommene Priorität(en) / Priority(ies) claimed /Priorité(s)
revendiquée(s)
Staat/Tag/Aktenzeichen/State/Date/File no./Pays/Date/Numéro de dépôt:

Internationale Patentklassifikation/International Patent Classification/
Classification internationale des brevets:

A01H/

Am Anmeldetag benannte Vertragstaaten/Contracting states designated at date of
filling/Etats contractants désignés lors du dépôt:

AT BE BG CH CY CZ DE DK EE ES FI FR GB GR HU IE IT LU MC NL
PT RO SE SI SK TR LI

EPO-BERLIN

30-09-2003

BCS 03-5004

Bayer CropScience GmbH

**Pflanzen mit verringelter Aktivität eines
5 Verzweigungsenzyms der Klasse 3**

Beschreibung

Die vorliegende Erfindung betrifft Pflanzenzellen und Pflanzen, die genetisch modifiziert sind, wobei die genetische Modifikation zur Verringerung der Aktivität eines pflanzlichen Verzweigungsenzys Klasse 3 im Vergleich zu entsprechenden nicht genetisch modifizierten Wildtyp-Pflanzenzellen bzw. Wildtyp-Pflanzen führt. Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Mittel und Verfahren zur Herstellung solcher Pflanzenzellen und Pflanzen. Derartige Pflanzenzellen und Pflanzen synthetisieren eine modifizierte Stärke.

10 Die vorliegende Erfindung betrifft daher auch die von den erfindungsgemäßer Pflanzenzellen und Pflanzen synthetisierte Stärke sowie Verfahren zur Herstellung dieser Stärke, als auch die Herstellung von Stärkederivaten dieser Stärke. Weiterhin betrifft die vorliegende Erfindung Nucleinsäuren, codierend ein Verzweigungsenzym Klasse 3, Vektoren, Wirtszellen, Pflanzenzellen und Pflanzen enthaltend solche Nucleinsäuremoleküle.

15

20

Im Hinblick auf die zunehmende Bedeutung, die pflanzlichen Inhaltsstoffen als erneuerbaren Rohstoffquellen zur Zeit beigemessen wird, ist es eine der Aufgaben der biotechnologischen Forschung, sich um eine Anpassung dieser pflanzlichen Rohstoffe an die Anforderungen der verarbeitenden Industrie zu bemühen. Um eine Anwendung von nachwachsenden Rohstoffen in möglichst vielen Einsatzgebieten zu ermöglichen ist es darüber hinaus erforderlich, eine große Stoffvielfalt zu erreichen.

25

Das Polysaccharid Stärke ist aus chemisch einheitlichen Grundbausteinen, der Glucosemolekülen, aufgebaut, stellt jedoch ein komplexes Gemisch unterschiedlicher

30

- Molekülformen dar, die Unterschiede hinsichtlich des Polymerisations- und des Verzweigungsgrades aufweisen und sich somit in ihren physikalisch-chemischen Eigenschaften stark voneinander unterscheiden. Man differenziert zwischen Amylosestärke, einem im wesentlichen unverzweigten Polymer aus α -1,4-glycosidisch verknüpften Glucoseeinheiten, und der Amylopektinstärke, einem verzweigten Polymer, bei dem die Verzweigungen durch das Auftreten zusätzlicher α -1,6-glycosidischer Verknüpfungen zustande kommen. Ein weiterer wesentlicher Unterschied zwischen Amylose und Amylopektin liegt im Molekulargewicht. Während Amylose, je nach Herkunft der Stärke, ein Molekulargewicht von $5 \times 10^5 - 10^6$ Da besitzt, liegt das des Amylopektins zwischen 10^7 und 10^8 Da. Die beiden Makromoleküle können durch ihr Molekulargewicht und ihre unterschiedlichen physiko-chemischen Eigenschaften differenziert werden, was am einfachsten durch ihre unterschiedlichen Jodbindungseigenschaften sichtbar gemacht werden kann.
- Amylose wurde lange als lineares Polymer, bestehend aus α -1,4-glycosidisch verknüpften α -D-Glucose-Monomeren, angesehen. In neueren Studien wurde jedoch die Anwesenheit von α -1,6-glycosidischen Verzweigungspunkten (ca. 0,1%) nachgewiesen (Hizukuri und Takagi, Carbohydr. Res. 134, (1984), 1-10; Takeda et al., Carbohydr. Res. 132, (1984), 83-92).
- Das Amylopektin stellt ein komplexes Gemisch aus unterschiedlich verzweigten Glucoseketten dar. Im Gegensatz zur Amylose ist das Amylopektin stärker verzweigt. Nach Lehrbuchangaben (Voet and Voet, Biochemistry, John Wiley & Sons, 1990) treten die α -1,6-Verzweigungen durchschnittlich alle 24 bis 30 Glucosereste auf. Dies entspricht einem Verzweigungsgrad von ca. 3% - 4%. Die Angaben zum Verzweigungsgrad sind variabel und abhängig von der Herkunft (z.B. Pflanzenspezies, Pflanzensorte usw.) der jeweiligen Stärke. In typischen für die industrielle Stärkeproduktion verwendeten Pflanzen, wie z.B. Mais, Weizen oder Kartoffel, besteht die synthetisierte Stärke zu ca. 20% - 30% aus Amylose-Stärke und zu ca. 70% - 80% aus Amylopektin-Stärke.

Die funktionellen Eigenschaften der Stärke werden neben dem Amylose/Amylopektin-Verhältnis und dem Phosphatgehalt stark beeinflußt durch das Molekulargewicht, das Muster der Seitenkettenverteilung, den Gehalt an Ionen, den Lipid- und Proteingehalt, die mittlere Stärkekorngröße sowie die Stärkekornmorphologie etc. Als wichtige

- 5 funktionelle Eigenschaften sind hierbei beispielsweise zu nennen die Löslichkeit, das Retrogradationsverhalten, das Wasserbindevermögen, die Filmbildungseigenschaften, die Viskosität, die Verkleisterungseigenschaften, die Gefrier-Tau-Stabilität, die Säurestabilität, die Gelfestigkeit etc.. Auch die Stärkekorngröße kann für verschiedene Anwendungen von Bedeutung sein.

10

Verzweigungsenzyme, die auch mit der Bezeichnung „BE“ (von Branching Enhyme; E.C. 2.4.1.18) abgekürzt werden, katalysieren die Einführung von α -1,6-Verzweigungen in α -1,4-Glukane. Verzweigungsenzyme und die sie codierenden Nuclein- bzw.

- 15 Aminosäuresequenzen sind aus unterschiedlichsten Organismen, wie z.B. Bakterien, mikrobiellen Pilzen, Säugetieren, Algen und höheren Pflanzen bekannt. Da nur Pflanzen Stärke synthetisieren, während die vorgenannten nicht-pflanzlichen Organismen (z.B. Bakterien, Pilze und Säugetiere) Glycogen synthetisieren, können die betreffenden Verzweigungsenzyme, die an der Synthese des jeweiligen Polymers 20 beteiligt sind, auch in Glycogen-Verzweigungsenzyme und Stärke-Verzweigungsenzyme unterteilt werden. Bei den Pflanzen handelt es sich daher um Stärke-Verzweigungsenzyme, die insbesondere in älterer Literatur häufig auch als Q-Enzyme bezeichnet werden.

In allen Pflanzenspezies, die bisher untersucht wurden, können die beschriebenen

- 25 Verzweigungsenzyme zwei unterschiedlichen Klassen zugeordnet werden (Burton et al., 1995, Plant Journal 7, 3-15; Mizuno et al., 2001, Plant Cell Physiol. 42(4), 349-357). Die Zuordnung zu diesen Klassen, teilweise in der Literatur mit A bzw. 2, und B bzw. 1 bezeichnet, beruht auf dem Vergleich von abgeleiteten Proteinsequenzen.

- 30 Da in der Vergangenheit unterschiedliche Nomenklaturen zur Bezeichnung und Klassifizierung von Verzweigungsenzymen verwendet wurden, haben Smith-White und

Preiss (1994, Plant Molecular Biology Reporter 12, 67-71) zur Vereinheitlichung dieser Nomenklatur ein System vorgeschlagen, in welchem die Zuordnung zu den beiden Klassen von pflanzlichen Verzweigungsenzymen auch auf dem Vergleich von abgeleiteten Proteinsequenzen beruht (Larsson et al., 1998, Plant Mol. Biol. 37, 505-511). Diejenigen pflanzlichen Verzweigungsenzyme, deren Aminosäuresequenz einen höheren Grad an Identität mit derjenigen des Verzweigungsenzyms I aus Mais (GenBank Acc: D11081) aufweisen, sollen nach dieser Nomenklatur als Verzweigungsenzym der Klasse 1 bezeichnet werden und diejenigen pflanzlichen Verzweigungsenzyme, deren sie codierende Aminosäuresequenz einen höheren Grad an Identität mit derjenigen des Verzweigungsenzyms II aus Mais (GenBank Acc: AF072725) aufweisen, sollen als Verzweigungsenzym der Klasse 2 bezeichnet werden. Die Bezeichnung der Genprodukte codierend für Verzweigungsenzyme soll nach der Nomenklatur von Smith-White und Preiss als Erweiterung in die bereits bestehende Nomenklatur mittels E.C. Nummern aufgenommen werden. Für die beiden Klassen ergeben sich somit sogenannte GPN (Gen Produkt Nummer) Codes und zwar GPN 2.2.4.1.18:1 für Verzweigungsenzyme der Klasse 1 und GPN 2.2.4.18:2 für Verzweigungsenzyme der Klasse 2.

Die folgenden pflanzlichen- oder Stärke-Verzweigungsenzyme gehören daher, nach der von Smith-White und Preiss (1994, Plant Molecular Biology Reporter 12, 67-71) vorgeschlagenen Nomenklatur zur Klasse 1 (GPN 2.2.1.18:1):

BE I aus *Aegilops tauschii* (GenBank Acc: AF525746), BE I aus Gerste (GenBank Acc: AY304541), BE aus Tapioka (GenBank Acc: X77012), BE I (häufig auch als BE 1 bezeichnet) aus Reis (GenBank Acc: D11082, D10752, D10838), BE 3 aus Bohne (GenBank Acc: AB029549), BE II aus Erbse (GenBank Acc: X80010), BE aus Hirse (GenBank Acc: AF169833), BE I aus Kartoffel (GenBank Acc: Y08786, X69805), BE aus Weizen (GenBank Acc: Y12320, AF076679, AF002820) und BE I aus Mais (GenBank Acc: D11081, AAO20100, E03435, AY176762, U17897, AF072724).

Dabei weisen die für verschiedene Verzweigungsenzyme der Klasse 1 codierenden Aminosäuresequenzen zu der Aminosäuresequenz des Verzweigungsenzyms I aus Mais (GenBank Acc: D11081) jeweils eine Identität von mehr als 60% auf.

- Verzweigungsenzyme, die nach der von Smith-White and Preiss (1994, Plant Molecular Biology Reporter 12, 67-71) vorgeschlagenen Nomenklatur zur Klasse 2 (GPN 2.2.1.18:2) gehören, sind z.B. BE Ila aus *Aegilops tauschii* (GenBank Acc: AF338431,
- 5 WO 9914314), BE2-1 und BE2-2 aus *Arabidopsis thaliana* (BE2-1 GenBank Acc: NM_129196 CAA04134; BE2-2 GenBank Acc: CAB82930, NM_120446), BE Ila und BE IIb aus Gerste (BE Ila GenBank Acc: AF064560; BE IIb GenBank Acc: AF064561), BE II aus Süßkartoffel (GenBank Acc: AB071286), BE III und BE IV (häufig auch als BE 3 bzw. BE 4 bezeichnet) aus Reis (BE III GenBank Acc: D16201; BE IV GenBank Acc: AB023498), BE 1 aus Bohne (GenBank Acc: AB029548), BE I aus Erbse (GenBank Acc: X80009), BE IIb aus Hirse (GenBank Acc: AY304540), BE II aus Kartoffel (GenBank Acc: AJ000004, AJ011885, AJ011888, AJ011889, AJ011890), BE II bzw. BE Ila aus Weizen (GenBank Acc: Y11282, AF286319, AF338432, U66376) und BE II, bzw. BE IIb aus Mais (BE II GenBank Acc: AAA18571, T02981; BE IIb GenBank Acc:
- 10 15 AF072725, L08065). Dabei weisen die für verschiedene Verzweigungsenzyme der Klasse 2 codierenden Aminosäuresequenzen zu der Aminosäuresequenz des Verzweigungsenzyms IIb aus Mais (GenBank Acc: AF072725) jeweils eine Identität von mehr als 60% auf.
- 20 Pflanzliche- oder Stärke-Verzweigungsenzyme gehören zur Familie der alpha-amylolytischen Enzyme (Svensson, 1994, Plant Molecular Biology 25, 141-157; Jespersen et al., 1991, Biochem J. 280, 51-55) und weisen bezüglich ihrer Aminosäuresequenz vier konservierte Domänen auf (Baba et al., 1991, Biochem. Biophys. Res. Commun. 181(1), 87-94; Kuriki et al., 1996, J. of Protein Chemistry 15(3), 25 305-313).
- Auf mathematischen Berechnungen, abgeleitet von experimentellen Daten, wie z.B. Proteinkristallstrukturen, basierende Strukturvorhersagen (Pfam: <http://hits.isb-sib.ch/cgi-bin/PFSCAN?>) ergeben, dass alle bisher bekannten Verzweigungsenzyme
- 30 aus höheren Pflanzen zwei Domänen aufweisen: eine Alpha-Amylase-Domäne und

eine Iso-Amylase-Domäne. Dabei liegt die Iso-Amylase-Domäne näher am N-Terminus des Proteins, als die Alpha-Amylase Domäne.

Bekannt sind z.B. Pflanzen, die auf Grund einer Mutation eine reduzierte Aktivität eines
5 Verzweigungsenzyms der Klasse 2 aufweisen. Dazu gehören die sogenannten „amylose extender“ (*ae*) Mutanten aus Mais (Standard et al., 1993, Plant Cell 5, 1555-1566; Boyer und Preiss, 1978, Biochem. Biophys. Res. Commun. 80, 169-175) und Reis (Mizuno et al., 1993, J. Biol. Chem. 268, 19084-19091), sowie die „*rugosus*“ (*r*) Mutation in Erbse (Smith, 1988, Planta 175, 270-279; Bhattacharyya et al., 1990, Cell
10 60, 115-122). Alle diese Mutanten zeichnen sich dadurch aus, dass sie eine Stärke synthetisieren, die einen erhöhten Anteil an Amylose aufweist im Vergleich zu Stärke aus entsprechenden Pflanzen, die diese Mutation nicht aufweisen.

Ferner sind genetisch modifizierte Kartoffelpflanzen beschrieben, bei welchen die
15 Aktivität eines BE I (Klasse 1) Verzweigungsenzyms (Kossmann et al., 1991, Mol Gen Genet 230, 39-44; Safford et al., 1998, Carbohydrate Polymers 35, 155-168), bzw. die Aktivität eines BEII (Klasse 2) Verzweigungsenzyms (Jobling et al., 1999, The Plant Journal 18), bzw. die Aktivität eines BEI und BEII Verzweigungsenzyms (Schwall et al., 2000, Nature Biotechnology 18, 551- 554, Jobling et al., 2003, Nature Biotechnology 21,
20 77-80) reduziert sind.

Bisher konnten alle pflanzlichen Verzweigungsenzyme einer der beiden oben beschriebenen Klassen zugeordnet werden. Pflanzenzellen oder Pflanzen, die eine verringerte Aktivität eines Verzweigungsenzyms aufweisen, welches nicht diesen
25 Klassen zugeordnet werden kann, sind nicht bekannt.

Der vorliegenden Erfindung liegt somit die Aufgabe zu Grunde, modifizierte Stärken, neue Pflanzenzellen und/oder Pflanzen, die eine solche modifizierte Stärke synthetisieren, sowie Mittel und Verfahren zur Erzeugung besagter Pflanzen zur
30 Verfügung zu stellen.

Diese Aufgabe wird durch die in den Ansprüchen bezeichneten Ausführungsformen gelöst.

- Somit betrifft die vorliegende Erfindung genetisch modifizierte Pflanzenzellen und
- 5 genetisch modifizierte Pflanzen, dadurch gekennzeichnet, dass die Pflanzenzellen bzw. Pflanzen eine verringerte Aktivität mindestens eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 im Vergleich zu entsprechenden nicht genetisch modifizierten Wildtyp-Pflanzenzellen bzw. Wildtyp-Pflanzen aufweisen.
- 10 Ein erster Aspekt der vorliegenden Erfindung betrifft eine Pflanzenzelle oder Pflanze, die genetisch modifiziert ist, wobei die genetische Modifikation zur Verringerung der Aktivität mindestens eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 führt, im Vergleich zu entsprechenden nicht genetisch modifizierten Wildtyp-Pflanzenzellen bzw. Wildtyp-Pflanzen.
- 15 Die genetische Modifikation kann dabei jede genetische Modifikation sein, die zu einer Verringerung der Aktivität mindestens eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 führt im Vergleich zu entsprechenden nicht genetisch modifizierten Wildtyp-Pflanzenzellen oder Wildtyp-Pflanzen.
- 20 Der Begriff „Wildtyp-Pflanzenzelle“ bedeutet im Zusammenhang mit der vorliegenden Erfindung, dass es sich um Pflanzenzellen handelt, die als Ausgangsmaterial für die Herstellung der erfindungsgemäßen Pflanzenzellen dienten, d.h. deren genetische Information, abgesehen von der eingeführten genetischen Modifikation, der einer erfindungsgemäßen Pflanzenzelle entspricht.
- Der Begriff „Wildtyp-Pflanze“ bedeutet im Zusammenhang mit der vorliegenden Erfindung, dass es sich um Pflanzen handelt, die als Ausgangsmaterial für die Herstellung der erfindungsgemäßen Pflanzen dienten, d.h. deren genetische
- 30 Information, abgesehen von der eingeführten genetischen Modifikation, der einer erfindungsgemäßen Pflanze entspricht.

Der Begriff „entsprechend“ bedeutet im Zusammenhang mit der vorliegenden Erfindung, dass beim Vergleich von mehreren Gegenständen die betreffenden Gegenstände, die miteinander verglichen werden, unter gleichen Bedingungen gehalten wurden. Im

- 5 Zusammenhang mit der vorliegenden Erfindung bedeutet der Begriff „entsprechend“ im Zusammenhang mit Wildtyp-Pflanzenzelle oder Wildtyp-Pflanze, dass die Pflanzenzellen oder Pflanzen, die miteinander verglichen werden, unter gleichen Kulturbedingungen aufgezogen wurden und dass sie ein gleiches (Kultur-) Alter aufweisen.

10

In einer Ausführungsform der vorliegenden Erfindung wird die genetische Modifikation der erfindungsgemäßen Pflanzenzellen oder der erfindungsgemäßen Pflanzen durch Mutagenese eines oder mehrerer Gene hervorgerufen. Die Art der Mutation ist dafür unerheblich, solange sie zu einer Reduktion der Aktivität eines Verzweigungsenzyms

15 Klasse 3 führt.

Unter dem Begriff „Mutagenese“ soll im Zusammenhang mit der vorliegenden Erfindung jegliche Art von eingeführten Mutationen verstanden werden, wie z.B. Deletionen, Punktmutationen (Nukleotidaustausche), Insertionen, Inversionen, Genkonversionen

20 oder Chromosomentranslokation.

Die Mutation, die zur Verringerung der Aktivität mindestens eines endogenen Verzweigungsenzyms Klasse 3 führt, kann dabei durch den Einsatz chemischer Agentien oder energiereicher Strahlung (z.B. Röntgen-, Neutronen-, Gamma- UV-Strahlung) erzeugt werden.

Agentien, die zur Erzeugung chemisch induzierter Mutationen eingesetzt werden können und die durch Einwirkung der entsprechenden Mutagene dabei entstehenden Mutationen sind z.B. beschrieben bei Ehrenberg und Husain, 1981, (Mutation Research 86, 1-113), Müller, 1972 (Biologisches Zentralblatt 91 (1), 31-48). Die Erzeugung von Reismutanten unter Verwendung von Gamma Strahlen, Ethyl-Methan-Sulfonat (EMS), N-methyl-N-Nitrosurea oder Natriumazid (NaN_3) ist z.B. beschrieben in Jauhar und

- Siddiq (1999, Indian Journal of Genetics, 59 (1), 23-28), bei Rao (1977, Cytologica 42, 443-450), Gupta und Sharma (1990, Oryza 27, 217-219) und Satoh und Omura (1981, Japanese Journal of Breeding 31 (3), 316-326). Die Erzeugung von Weizenmutanten unter Verwendung von NaN_3 bzw. Maleic hydrazide ist in Arora et al. (1992, Annals of 5 Biology 8 (1), 65-69) beschrieben. Eine Übersicht zur Erzeugung von Weizenmutanten unter Verwendung von verschiedenen Arten energiereicher Strahlung und chemischer Agenzien ist in Scarascia-Mugnozza et al. (1993, Mutation Breeding Review 10, 1-28) dargestellt. Svec et al. (1998, Cereal Research Communications 26 (4), 391-396) beschreibt die Anwendung von N-ethyl-N-Nitrosurea zur Erzeugung von Mutanten in 10 Triticale. Die Verwendung von MMS (Methylmethansulfonsäure) und Gamma Strahlung zur Erzeugung von Hirsemutanten ist in Shashidhara et al. (1990, Journal of Maharashtra Agricultural Universities 15 (1), 20-23) beschrieben.

Die Herstellung von Mutanten in Pflanzenspezies, die sich hauptsächlich vegetativ 15 vermehren, wurde z.B. für Kartoffeln, die eine veränderte Stärke produzieren (Hovenkamp-Hermelink et al. (1987, Theoretical and Applied Genetics 75, 217-221) und für Minze mit erhöhtem Ölertrag bzw. veränderter Ölqualität (Dwivedi et al., 2000, Journal of Medicinal and Aromatic Plant Sciences 22, 460-463) beschrieben. Alle diese Methoden sind grundsätzlich geeignet, die erfindungsgemäßen 20 Pflanzenzellen und die erfindungsgemäßen Pflanzen herzustellen.

Das Auffinden von Mutationen in den entsprechenden Genen, insbesondere in Genen codierend ein Verzweigungsenzym Klasse 3, kann mit Hilfe von dem Fachmann bekannten Methoden geschehen. Insbesondere können hierzu Analysen, basierend auf 25 Hybridisierungen mit Sonden (Southern Blot), der Amplifikation mittels Polymerasekettenreaktion (PCR), der Sequenzierung betreffender genomischer Sequenzen und die Suche nach einzelnen Nukleotidaustauschen angewandt werden. Eine Methode, um Mutationen anhand von Hybridisierungsmustern zu identifizieren, ist z.B. die Suche nach Restriktionsfragment Längen-Unterschieden (Restriction Fragment 30 Length Polymorphism, RFLP) (Nam et al., 1989, The Plant Cell 1, 699-705; Leister and Dean, 1993, The Plant Journal 4 (4), 745-750). Eine auf PCR basierende Methode ist

z.B. die Analyse von amplifizierten Fragment Längenunterschieden (Amplified Fragment Length Polymorphism, AFLP) (Castiglioni et al., 1998, Genetics 149, 2039-2056; Meksem et al., 2001, Molecular Genetics and Genomics 265, 207-214; Meyer et al., 1998, Molecular and General Genetics 259, 150-160). Auch die Verwendung von mit 5 Restriktionsendonukleasen geschnittenen amplifizierten Fragmenten (Cleaved Amplified Polymorphic Sequences, CAPS) kann zur Identifizierung von Mutationen herangezogen werden (Konieczny und Ausubel, 1993, The Plant Journal 4, 403-410; Jarvis et al., 1994, Plant Molecular Biology 24, 685-687; Bachem et al., 1996, The Plant Journal 9 (5), 745-753). Methoden zur Ermittlung von SNPs sind u.a. von Qi et al. 10 (2001, Nucleic Acids Research 29 (22), e116) Drenkard et al. (2000, Plant Physiology 124, 1483-1492) und Cho et al. (1999, Nature Genetics 23, 203-207) beschrieben worden. Insbesondere sind Methoden, die es erlauben, viele Pflanzen innerhalb kurzer Zeit auf Mutationen in bestimmten Genen hin zu untersuchen, geeignet. Solch eine 15 Methode, das sogenannte TILLING (Targetting Induced Local Lesions IN Genomes), ist von McCallum et al. (2000, Plant Physiology 123, 439-442) beschrieben worden.

Diese Methoden sind zur Identifizierung erfindungsgemäßer Pflanzenzellen und erfindungsgemäßer Pflanzen grundsätzlich geeignet.

20 Hoogkamp et al. (2000, Potato Research 43, 179-189) haben, ausgehend von einer mittels chemischer Mutagense hergestellten Kartoffelmutante (*amf*), stabile monoploide Mutanten hergestellt. Diese Pflanzen synthetisieren kein aktives Enzym mehr für eine stärkekorngebundene Stärkesynthase (GBSS I) und produzieren daher eine amylosefreie Stärke. Die erhaltenen monoploiden Kartoffelpflanzen können als 25 Ausgangsmaterial für weitere Mutagenesen eingesetzt werden, um Pflanzen zu identifizieren, die eine Stärke mit veränderten Eigenschaften synthetisieren. Nach entsprechenden Methoden können auch die erfindungsgemäßen Pflanzenzellen und erfindungsgemäßen Pflanzen, die eine erfindungsgemäße Stärke produzieren, erzeugt, identifiziert und isoliert werden.

Die erfindungsgemäßen Pflanzenzellen und die erfindungsgemäßen Pflanzen weisen eine Verringerung der Aktivität mindestens eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 auf im Vergleich zu entsprechenden nicht genetisch modifizierten Wildtyp-Pflanzenzellen.

- 5 Der Begriff "Verringerung der Aktivität" bedeutet dabei im Rahmen der vorliegenden Erfindung eine Verringerung der Expression endogener Gene, die Verzweigungsenzyme Klasse 3 codieren und/oder eine Verringerung der Menge an Protein eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 in den Pflanzenzellen und/oder eine Verringerung der enzymatischen Aktivität von Verzweigungsenzymen Klasse 3 in den
10 Pflanzenzellen.

- Die Verringerung der Expression kann beispielsweise bestimmt werden durch Messung der Menge an Verzweigungsenzym Klasse 3 codierenden Transkripten, z.B. durch Northern-Blot-Analyse oder RT-PCR. Eine Verringerung bedeutet dabei vorzugsweise eine Verringerung der Menge an Transkripten im Vergleich zu entsprechenden nicht genetisch modifizierten Pflanzenzellen um mindestens 50%, insbesondere um mindestens 70%, bevorzugt um mindestens 85% und besonders bevorzugt um mindestens 95%.
- 15
 - 20 Die Verringerung der Menge an Protein eines Verzweigungsenzyms Klasse 3, die eine verringerte Aktivität dieser Proteine in den betreffenden Pflanzenzellen zur Folge hat, kann beispielsweise bestimmt werden durch immunologische Methoden wie Western-Blot-Analyse, ELISA (Enzyme Linked Immuno Sorbent Assay) oder RIA (Radio Immune Assay). Eine Verringerung bedeutet dabei vorzugsweise eine Verringerung der Menge
25 an Verzweigungsenzym Klasse 3 Protein im Vergleich zu entsprechenden nicht genetisch modifizierten Pflanzenzellen um mindestens 50%, insbesondere um mindestens 70%, bevorzugt um mindestens 85% und besonders bevorzugt um mindestens 95%.
 - 30 Im Rahmen der vorliegenden Erfindung wird unter dem Begriff „Verzweigungsenzym“ (α -1,4-Glukan: α -1,4-Glukan 6-Glycosyltransferase, E.C. 2.4.1.18) ein Protein

verstanden, das eine Transglycosylierungsreaktion katalysiert, in der α -1,4-Verknüpfungen eines α -1,4-Glukandonors hydrolysiert und die dabei freigesetzten α -1,4-Glukanketten auf eine α -1,4-Glukanakzeptorkette transferiert und dabei in α -1,6-Verknüpfungen überführt werden. Insbesondere soll im Rahmen der vorliegenden

- 5 Erfindung unter dem Begriff „Verzweigungsezym“ ein pflanzliches Verzweigungsenzym, d.h. ein Stärke-Verzweigungsenzym verstanden werden.

Nachgewiesen werden kann die Aktivität eines Verzweigungsenzyms z.B. mit Hilfe der nativen Acrylamidgelektrophorese. Dabei werden Proteine zunächst elektrophoretisch

- 10 aufgetrennt und die entsprechenden Gele nach Inkubation in Puffern, enthaltend eine lineare α -1,4-Glukan Ketten synthetisierende Aktivität (z.B. Stärkephosphorylase a) und deren Substrat (z.B. Glukose-6-Phosphat), mit Jod gefärbt (Kimihiko et al., 1980, Analytical Biochemistry 108, 16-24).

Weiterhin können Verzweigungsenzyme in mikrobiellen Organismen, wie z.B. dem *E.*

- 15 *coli* Stamm KV832 (Kiel et al., 1987 Mol. Gen. Genet 207: 294-301), die keine verzweigten α -Glukane synthetisieren, exprimiert werden. Wird durch die Expression eines fremden Gens in solchen Stämmen (z.B. *E. coli* KV832) eine Aktivität eines Verzweigungsenzyms in den mikrobiellen Organismus eingeführt, so kann die Verzweigungsenzymaktivität z.B. durch Bedämpfung von Kolonien dieser Organismen

- 20 mit Jod nachgewiesen werden. Kolonien, die lineare α -1,4-Glukane synthetisieren, färben in diesem Nachweis blau, während Kolonien, welche durch Expression einer zusätzlichen enzymatischen Aktivität eines Verzweigungsenzyms verzweigte Glukane synthetisieren, nach Bedämpfung mit Jod rötlich braun färben. Auch die Expression von Proteinen in Phosphoglucomutasesmutanten von *E. coli* ist zur Identifizierung einer
25 Verzweigungsenzymaktivität von entsprechenden Proteinen möglich (Buettcher et al., 1999, Biochem. Biophys. Acta 1432, 406-412).

Eine weitere Möglichkeit, Verzweigungsenzymaktivität von Proteinen nachzuweisen, ist die Verwendung einer Phosphorylase a stimulierten Reaktion und die anschließende Auf trennung der Produkte mittels Dünnschichtchromatographie (Almstrupp et al., 2000,

- 30 Analytical Biochemistry 286, 297-300).

Ebenfalls nachgewiesen werden können Verzweigungsenzymaktivitäten mit Hilfe der bei Guan und Preiss (1993, Plant Physiol. 102. 1269- 1273) und Kuriki et al. (1996, J. of Protein Chemistry 15, 305-313) beschriebenen Methoden.

- 5 Unter dem Begriff "Verzweigungsenzym Klasse 3" soll im Zusammenhang mit der vorliegenden Erfindung ein Verzweigungsenzym verstanden werden, das mit der in Seq ID NO 4 dargestellten Aminosäuresequenz einen höheren Grad an Identität aufweist, als mit der des Verzweigungsenzyms BE I aus Mais (GenBank Acc: D11081) oder mit der des Verzweigungsenzyms BE IIb aus Mais (GenBank Acc: AF072725).
- 10 Vorzugsweise stammt das Verzweigungsenzym Klasse 3 aus stärkespeichernden Pflanzen, besonders bevorzugt aus Pflanzenspezies der Gattung *Solanum*, insbesondere bevorzugt aus *Solanum tuberosum*.

- 15 In einer weiteren Ausführungsform der vorliegenden Erfindung weisen Aminosäuresequenzen codierend Verzweigungsenzyme der Klasse 3 eine Identität mit der in SEQ ID NO 4 dargestellten Sequenz von mindestens 60%, insbesondere von mindestens 70%, bevorzugt von mindestens 80% und besonders bevorzugt von mindestens 90% und insbesondere bevorzugt von mindestens 95% auf.
- 20 Verzweigungsenzyme der Klasse 3 weisen erfindungsgemäß eine Iso-Amylase-Domäne (Pfam acc.: Pf02922) und eine Alpha-Amylase-Domäne (Pfam acc: Pf00128) auf. Erfindungsgemäß sind die Iso-Amylase Domäne und die Alpha-Amylase Domäne in Verzweigungsenzyme codierenden Aminosäuresequenzen durch das Vorhandensein weiterer Aminosäuren, die diesen beiden Domänen nicht zugehören, voneinander 25 getrennt.

- Erfindungsgemäße Verzweigungsenzyme Klasse 3 zeichnen sich dadurch aus, dass die Iso-Amylase Domäne von der Alpha-Amylase Domäne durch eine größere Anzahl an Aminosäuren voneinander getrennt ist, als die Iso-Amylase Domäne und die Alpha-Amylase Domäne von Verzweigungsenzymen der Klassen 1 und 2.
- 30 Erfindungsgemäße Verzweigungsenzyme Klasse 3 zeichnen sich bezüglich ihrer Aminosäuresequenz bevorzugt dadurch aus, dass sie zwischen der Iso-Amylase

- Domäne und der Alpha-Amylase Domäne mindestens 70, bevorzugt mindestens 100, besonders bevorzugt mindestens 130 und insbesondere bevorzugt mindestens 198 Aminosäuren aufweisen. In einer weiteren Ausführungsform der vorliegenden Erfindung ist das C-terminale Ende der Iso-Amylase Domäne vom N-terminalen Anfang der
- 5 Alpha-Amylase Domäne bei der für ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codierenden Aminosäuresequenz durch 70 bis 198, bevorzugt durch 100 bis 198, besonders bevorzugt durch 130 bis 198 und insbesondere besonders bevorzugt durch 150 bis 198 Aminosäuren voneinander getrennt.
- 10 Mit Hilfe der Pfam-Datenbank (Batemann et al., 2002, Nucleic Acids Research 30, 276-280; erreichbar über <http://www.sanger.ac.uk/Software/Pfam/>, <http://www.cgb.ki.se/Pfam/>; <http://pfam.jouy.inra.fr/> oder <http://pfam.wustl.edu/>) ist es dem Fachmann möglich, zu ermitteln, ob Aminosäuresequenzen bereits bekannte Domänen (z.B. eine Iso-Amylase und/oder eine Alpha-Amylase Domäne) aufweisen.
- 15 Pfam ist eine von Experten zusammengestellte Datenbank, die Aminosäuresequenzen in sogenannte Familien einteilt. Die Zuordnung einer Aminosäuresequenz zu einer Familie erfolgt dabei auf Basis von sogenannten Domänen, die als funktionelle und strukturelle Bausteine von Proteinen anzusehen sind. Eine Domäne ist definiert als strukturelle Einheit oder mehrfach auftretende Aminosäuresequenz-Einheit, die in
- 20 Proteinen unterschiedlichster Funktion vorkommen kann. Neben Informationen betreffend die Aminosäuresequenz bekannter Proteine werden auch weitere Erkenntnisse (z.B. Nachweis der enzymatischen Aktivität, Kristallstrukturdaten) für die Zuordnung eines Proteins zu einer Familie herangezogen. Jeder Familie wird ein Name und eine „accession“ Nummer (z.B. Name: Isoamylase_N, acc:PF02922) zugewiesen.
- 25 Bestandteil jeder Familie in der Pfam-Datenbank ist u.a. ein sogenanntes „seed alignment“. Das „seed alignment“ enthält die Aminosäuresequenzen von repräsentativen Proteinen einer Familie. Ausgehend von „seed alignments“ wird ein sogenanntes Profil HMM („profile Hidden Markov Model“; Übersichtsartikel in: Durbin et al., „Biological Sequence Analysis: Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids“,
- 30 Cambridge University Press, 1998, ISBN 0-521-62041-4) durch Verwendung der HMMER 2 Software (frei erhältlich unter <http://hmmer.wustl.edu/>) erzeugt. Die

erzeugten HMMs haben Namen und sind spezifisch für die entsprechend zugeordneten Domänen in der Pfam-Datenbank abgelegt. HMMs beruhen im Gegensatz zu klassischen, multiplen „alignments“ (z.B. hergestellt mit dem Program Clustal W oder dem Algorhytmus Blosum62) auf einer validen statistischen Theorie (Bayes-Theorie der bedingten Wahrscheinlichkeit, Markoff-Ketten) und ermöglichen die Zuordnung einer Abfrage Sequenz (Query) zu einer Familie basierend auf der Verwendung von positionsspezifischen Bewertungsmatrizen. Dieses ermöglicht eine Zuordnung auch dann, wenn erhebliche Unterschiede in den Aminosäuresequenzen zwischen Abfrage-Sequenz (Query) und einer Vergleichs-Sequenz (z.B. Aminosäuresequenzeintrag in einer Datenbank) vorliegen.

Mittels eines Vergleiches der in der Pfam-Datenbank gespeicherten HMMs mit Aminosäuresequenzen, die als sogenannte Abfrage-Sequenz (Query) eingegeben werden, kann somit die Domänen Struktur der betreffenden Aminosäuresequenz ermittelt werden (z.B. unter: <http://hits.isb-sib.ch/cgi-bin/PFSCAN?>).

Unter dem Begriff „Iso-Amylase-Domäne“ soll im Zusammenhang mit der vorliegenden Erfindung eine Pfam Iso-Amylase-Domäne (acc: Pf02922) verstanden werden. Dabei ist das diese Pfam Iso-Amylase-Domäne beschreibende HMM mit der Software HMMER 2 [2.3.1], ausgehend von einem „seed alignment“, das die in Tabelle 1 dargestellten Aminosäuresequenzen enthält, zu erzeugen. Das „seed alignment“ wird im Zusammenhang mit der vorliegenden Erfindung mittels des Programs ClustalW (Thompson et al., Nucleic Acids Research 22 (1994), 4673-4680; siehe unten) erzeugt. Zur Erstellung des entsprechenden HMMs sind folgende Einstellungen zu wählen: Build Method of HMM: hmmbuild -F HMM_Is, hmmcalibrate –seed 0 HMM_Is; Gathering cutoff: 2.3 2.3; Trusted cutoff: 2.3 2.2; Noise cutoff: 2.1 2.1). Weitere Angaben zur Erstellung des HMMs der Pfam Iso-Amylase-Domäne (acc: Pf02922) sind in Tabelle 3 dargestellt.

Unter dem Begriff „Alpha-Amylase-Domäne“ soll im Zusammenhang mit der vorliegenden Erfindung eine Pfam Alpha-Amylase-Domäne (acc: Pf00128), verstanden

werden. Dabei ist das diese Pfam Alpha-Amylase-Domäne beschreibende HMM mit der Software HMMER 2 [2.3.1], ausgehend von einem „seed alignment“, das die in Tabelle 2 dargestellten Aminosäuresequenzen enthält, zu erzeugen. Das „seed alignment“ wird dabei mittels HMM_simulated_annealing (http://www.psc.edu/general/software/packages/hmmer/manual/node11.html#SECTION00321000000000000000) erzeugt. Zur Erstellung des entsprechenden HMM sind folgende Einstellungen zu wählen: Build Method of HMM: hmmbuild -F HMM_ls, hmmcalibrate –seed 0 HMM_ls; Gathering cutoff: -82.0 –82.0; Trusted cutoff: -81.7 –81.7; Noise cutoff: -82.7 –82.7). Weitere Angaben zur Erstellung des HMMs der Pfam 10 Alpha-Amylase-Domäne (acc: Pf00128) sind in Tabelle 4 dargestellt.

Unter dem Begriff „Verzweigungsenzym Klasse 3 Gen“ soll im Zusammenhang mit der vorliegenden Erfindung ein Nucleinsäuremolekül (cDNA, DNA) verstanden werden, das ein Verzweigungsenzym Klasse 3, vorzugsweise ein Verzweigungsenzym Klasse 3 aus 15 stärkespeichernden Pflanzen, besonders bevorzugt aus Pflanzenspezies der Gattung *Solanum*, insbesondere bevorzugt aus *Solanum tuberosum*, codiert.

Eine bevorzugte Ausführungsform der vorliegenden Erfindung betrifft eine erfindungsgemäße genetisch modifizierte Pflanzenzelle oder eine erfindungsgemäße 20 genetisch modifizierte Pflanze, wobei die genetische Modifikation in der Einführung mindestens eines fremden Nucleinsäuremoleküls in das Genom der Pflanzenzelle bzw. in das Genom der Pflanze besteht.

In diesem Zusammenhang bedeutet der Begriff „genetische Modifikation“ das Einführen 25 von homologen und/oder heterologen fremden Nucleinsäuremolekülen in das Genom einer Pflanzenzelle oder in das Genom einer Pflanze, wobei besagtes Einführen dieser Moleküle zur Reduktion der Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 führt. Durch Einführung eines fremden Nucleinsäuremoleküls sind die erfindungsgemäßen Pflanzenzellen oder erfindungsgemäßen Pflanzen in ihrer genetischen Information 30 verändert. Das Vorhandensein oder die Expression des fremden Nucleinsäuremoleküls führt zu einer phänotypischen Veränderung. „Phänotypische“ Veränderung bedeutet

dabei vorzugsweise eine meßbare Veränderung einer oder mehrerer Funktionen der Zellen. Beispielsweise zeigen die genetisch modifizierten erfindungsgemäßen Pflanzenzellen und die genetisch modifizierten erfindungsgemäßen Pflanzen aufgrund des Vorhandenseins oder bei Expression des eingeführten Nucleinsäuremoleküls eine

- 5 Verringerung der Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3.

Unter dem Begriff "fremdes Nukleinsäuremolekül" versteht man im Zusammenhang mit der vorliegenden Erfindung ein solches Molekül, das entweder natürlicherweise in entsprechenden nicht genetisch modifizierten Wildtyp-Pflanzenzellen nicht vorkommt,

- 10 oder das in der konkreten räumlichen Anordnung nicht natürlicherweise in nicht genetisch modifizierten Wildtyp-Pflanzenzellen vorkommt oder das an einem Ort im Genom der Wildtyp-Pflanzenzelle lokalisiert ist, an dem es natürlicherweise nicht vorkommt. Bevorzugt ist das fremde Nukleinsäuremolekül ein rekombinantes Molekül, das aus verschiedenen Elementen besteht, deren Kombination oder spezifische
15 räumliche Anordnung natürlicherweise in pflanzlichen Zellen nicht auftritt.

Prinzipiell kann das fremde Nucleinsäuremolekül jedes beliebige Nucleinsäuremolekül sein, das in der Pflanzenzelle oder Pflanze eine Verringerung der Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 bewirkt.

- 20 Unter dem Begriff „Genom“ soll im Zusammenhang mit der vorliegenden Erfindung die Gesamtheit des in einer pflanzlichen Zelle vorliegenden Erbmaterials verstanden werden. Dem Fachmann ist bekannt, dass neben dem Zellkern auch andere Kompartimente (z.B. Plastiden, Mitochondrien) Erbmaterial enthalten.

- 25 In einer weiteren Ausführungsform sind die erfindungsgemäßen Pflanzenzellen und die erfindungsgemäßen Pflanzen dadurch gekennzeichnet, dass das fremde Nucleinsäuremolekül ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codiert, bevorzugt ein Verzweigungsenzym Klasse 3 aus stärkespeichernden Pflanzen, besonders bevorzugt aus Pflanzen einer Spezies der Gattung *Solanum*, insbesondere bevorzugt aus
30 *Solanum tuberosum*.

In einer besonders bevorzugten Ausführungsform codiert das fremde Nucleinsäuremolekül ein Verzweigungenzym Klasse 3 mit der in SEQ ID NO 4 angegebenen Aminosäuresequenz.

- 5 Für die Einführung von DNA in eine pflanzliche Wirtszelle stehen eine Vielzahl von Techniken zur Verfügung. Diese Techniken umfassen die Transformation pflanzlicher Zellen mit T-DNA unter Verwendung von *Agrobacterium tumefaciens* oder *Agrobacterium rhizogenes* als Transformationsmittel, die Fusion von Protoplasten, die Injektion, die Elektroporation von DNA, die Einbringung der DNA mittels des
10 biolistischen Ansatzes sowie weitere Möglichkeiten.

Die Verwendung der Agrobakterien-vermittelten Transformation von Pflanzenzellen ist intensiv untersucht und ausreichend in EP 120516; Hoekema, IN: The Binary Plant Vector System Offsetdrukkerij Kanters B.V., Alblasterdam (1985), Chapter V; Fraley et al., Crit. Rev. Plant Sci. 4, 1-46 und bei An et al. EMBO J. 4, (1985), 277-287
15 beschrieben worden. Für die Transformation von Kartoffel, siehe z.B. Rocha-Sosa et al., EMBO J. 8, (1989), 29-33.).

Auch die Transformation monokotyler Pflanzen mittels auf Agrobakterium
Transformation basierender Vektoren wurde beschrieben (Chan et al., Plant Mol. Biol.
20 22, (1993), 491-506; Hiei et al., Plant J. 6, (1994) 271-282; Deng et al, Science in China
33, (1990), 28-34; Wilmink et al., Plant Cell Reports 11, (1992), 76-80; May et al.,
Bio/Technology 13, (1995), 486-492; Conner und Domisse, Int. J. Plant Sci. 153 (1992),
550-555; Ritchie et al, Transgenic Res. 2, (1993), 252-265). Alternatives System zur
Transformation von monokotylen Pflanzen ist die Transformation mittels des
25 biolistischen Ansatzes (Wan und Lemaux, Plant Physiol. 104, (1994), 37-48; Vasil et al.,
Bio/Technology 11 (1993), 1553-1558; Ritala et al., Plant Mol. Biol. 24, (1994), 317-325;
Spencer et al., Theor. Appl. Genet. 79, (1990), 625-631), die
Protoplastentransformation, die Elektroporation von partiell permeabilisierten Zellen, die
Einbringung von DNA mittels Glasfasern. Insbesondere die Transformation von Mais
30 wird in der Literatur mehrfach beschrieben (vgl. z. B. WO95/06128, EP0513849,
EP0465875, EP0292435; Fromm et al., Biotechnology 8, (1990), 833-844; Gordon-

Kamm et al., Plant Cell 2, (1990), 603-618; Koziel et al., Biotechnology 11 (1993), 194-200; Moroc et al., Theor. Appl. Genet. 80, (1990), 721-726).

Auch die erfolgreiche Transformation anderer Getreidearten wurde bereits beschrieben, z.B. für Gerste (Wan und Lemaux, s.o.; Ritala et al., s.o.; Krens et al., Nature 296, 5 (1982), 72-74) und für Weizen (Nehra et al., Plant J. 5, (1994), 285-297). Alle vorstehenden Methoden sind im Rahmen der vorliegenden Erfindung geeignet.

Die erfindungsgemäßen Pflanzenzellen und die erfindungsgemäßen Pflanzen lassen sich von Wildtyp-Pflanzenzellen bzw. Wildtyp-Pflanzen unter anderem dadurch unterscheiden, dass sie ein fremdes Nucleinsäuremolekül enthalten, das natürlicherweise in Wildtyp-Planzenzellen bzw. Wildtyp-Pflanzen nicht vorkommt oder dadurch, dass ein solches Moleköl an einem Ort im Genom der erfindungsgemäßen Pflanzenzelle oder im Genom der erfindungsgemäßen Pflanze integriert vorliegt, an dem es bei Wildtyp-Pflanzenzellen bzw. Wildtyp-Pflanzen nicht vorkommt, d.h. in einer anderen genomischen Umgebung. Ferner lassen sich derartige erfindungsgemäße Pflanzenzellen und erfindungsgemäße Pflanzen von Wildtyp-Pflanzenzellen bzw. Wildtyp-Pflanzen dadurch unterscheiden, dass sie mindestens eine Kopie des fremden Nucleinsäuremoleküls stabil integriert in ihr Genom enthalten, gegebenenfalls zusätzlich zu natürlicherweise in den Wildtyp-Pflanzenzellen bzw. Wildtyp-Pflanzen vorkommenden Kopien eines solchen Moleküls. Handelt es sich bei dem (den) in die erfindungsgemäßen Pflanzenzellen oder erfindungsgemäßen Pflanzen eingeführten fremden Nucleinsäuremoleköl(en) um zusätzliche Kopien zu bereits natürlicherweise in den Wildtyp-Pflanzenzellen bzw. Wildtyp-Pflanzen vorkommenden Molekülen, so lassen sich die erfindungsgemäßen Pflanzenzellen und die erfindungsgemäßen Pflanzen von Wildtyp-Pflanzenzellen bzw. Wildtyp-Pflanzen insbesondere dadurch unterscheiden, dass diese zusätzliche(n) Kopie(n) an Orten im Genom lokalisiert ist (sind), an denen sie bei Wildtyp-Pflanzenzellen bzw. Wildtyp-Pflanzen nicht vorkommt (vorkommen). Dies lässt sich beispielsweise mit Hilfe einer Southern Blot-Analyse nachprüfen. Weiterhin lassen sich die erfindungsgemäßen Pflanzenzellen und erfindungsgemäßen Pflanzen von Wildtyp-Pflanzenzellen bzw. Wildtyp-Pflanzen vorzugsweise durch mindestens eines der folgenden Merkmale unterscheiden: Ist das eingeführte fremde

- Nucleinsäuremolekül heterolog in Bezug auf die Pflanzenzelle oder Pflanze, so weisen die erfindungsgemäßen Pflanzenzellen oder erfindungsgemäßen Pflanzen Transkripte der eingeführten Nucleinsäuremoleküle auf. Diese lassen sich z. B. durch Northern-Blot-Analyse oder durch RT-PCR (Reverse Transcription Polymerase Chain Reaction)
- 5 nachweisen. Erfindungsgemäße Pflanzenzellen und erfindungsgemäße Pflanzen, die ein Antisense- und/oder ein RNAi-Transkript exprimieren, können z.B. mit Hilfe von spezifischen Nucleinsäure-Sonden, die komplementär zur für das Protein codierenden (natürlich in der Pflanzenzelle vorkommenden) RNA sind, nachgewiesen werden.
- 10 Ist das eingeführte fremde Nucleinsäuremolekül homolog in Bezug auf die Pflanzenzelle oder Pflanze, können die erfindungsgemäßen Pflanzenzellen und die erfindungsgemäßen Pflanzen von Wildtyp-Pflanzenzellen bzw. Wildtyp-Pflanzen beispielsweise aufgrund der zusätzlichen Expression der eingeführten fremden Nucleinsäuremoleküle unterschieden werden. Die erfindungsgemäßen Pflanzenzellen und die erfindungsgemäßen Pflanzen enthalten vorzugsweise (sense und/oder antisense) Transkripte der fremden Nucleinsäuremoleküle. Dies kann z. B. durch Northern Blot Analyse oder mit Hilfe der sogenannten quantitativen PCR nachgewiesen werden.
- 15
- 20 In einer speziellen Ausführungsform handelt es sich bei den erfindungsgemäßen Pflanzenzellen und bei den erfindungsgemäßen Pflanzen um transgene Pflanzenzellen bzw. transgene Pflanzen.
- In einer weiteren Ausführungsform betrifft die vorliegende Erfindung erfindungsgemäße Pflanzenzellen und erfindungsgemäße Pflanzen wobei das fremde Nucleinsäuremolekül ausgewählt ist, aus der Gruppe bestehend aus
- 25
- 30 a) Nucleinsäuremolekülen, die ein Protein mit der unter Seq ID NO 4 angegebenen Aminosäuresequenz codieren;
- b) Nucleinsäuremolekülen, die ein Protein codieren, dessen Aminosäuresequenz eine Identität von mindestens 50% zu der unter SEQ ID NO 4 angegebenen Aminosäuresequenz aufweist;

- c) Nucleinsäuremolekülen, die die unter Seq ID NO 3 dargestellte Nucleotidsequenz oder eine komplementäre Sequenz umfassen;
 - d) Nucleinsäuremolekülen, deren Nucleinsäuresequenz zu den unter a) oder c) beschriebenen Nucleinsäuresequenzen eine Identität von mindestens 50% aufweist;
 - e) Nucleinsäuremolekülen, welche mit mindestens einem Strang der unter a) oder c) beschriebenen Nucleinsäuremoleküle unter stringenten Bedingungen hybridisieren;
 - f) Nucleinsäuremolekülen, deren Nucleotidsequenz aufgrund der Degeneration des genetischen Codes von der Sequenz der unter a), b), c), d), e) oder f) genannten Nucleinsäuremoleküle abweicht; und
 - g) Nucleinsäuremolekülen, die Fragmente, allelische Varianten und/oder Derivate der unter a), b), c), d), e) oder f) genannten Nucleinsäuremolekülen darstellen.
- 15 Eine weitere Ausführungsform der vorliegenden Erfindung betrifft erfindungsgemäß Pflanzenzellen und erfindungsgemäß Pflanzen, wobei das fremde Nucleinsäuremolekül ausgewählt ist, aus der Gruppe bestehend aus
- a) DNA-Molekülen, die mindestens eine antisense-RNA codieren, welche eine Verringerung der Expression von mindestens einem endogenen Gen bewirkt, das ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codiert;
 - b) DNA-Molekülen, die über einen Cosuppressionseffekt zu Verringerung der Expression von mindestens einem endogenen Gen führen, das ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codiert;
 - c) DNA-Molekülen, die mindestens ein Ribozym codieren, das spezifisch Transkripte von mindestens einem endogenen Gen spaltet, das ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codiert,
 - d) DNA-Molekülen, die simultan mindestens eine antisense-RNA und mindestens eine sense-RNA codieren, wobei besagte antisense-RNA und besagte sense-RNA ein doppelsträngiges RNA-Molekül ausbilden, das eine Verringerung der

Expression von mindestens einem endogenen Gen bewirkt, das ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codiert (RNAi Technologie);

- e) Mittels in vivo-Mutagenese eingeführte Nucleinsäuremoleküle, die zu einer Mutation oder einer Insertion einer heterologen Sequenz in mindestens einem endogenen Verzweigungsenzym Klasse 3 codierenden Gen führen, wobei die Mutation oder Insertion eine Verringerung der Expression eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 codierenden Gens bewirkt, oder die Synthese von inaktiven Verzweigungsenzym Klasse 3 zur Folge hat;
- f) Nucleinsäuremolekülen, die einen Antikörper codieren, wobei der Antikörper durch die Bindung an ein Verzweigungsenzym Klasse 3 eine Verringerung der Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 zur Folge hat,
- g) DNA Molekülen, die Transposons enthalten, wobei die Integration dieser Transposons zu einer Mutation oder einer Insertion in mindestens einem endogenen Verzweigungsenzym Klasse 3 codierenden Gen führt, welches eine Verringerung der Expression von mindestens einem Verzweigungsenzym Klasse 3 codierenden Gens bewirkt, oder die Synthese von inaktiven Verzweigungsenzymen Klasse 3 zur Folge hat; und/oder
- h) T-DNA Molekülen, die durch Insertion in mindestens einem endogenen Verzweigungsenzym Klasse 3 codierenden Gen eine Verringerung der Expression von mindestens einem Verzweigungsenzym Klasse 3 codierenden Gen bewirken, oder die Synthese von inaktivem Verzweigungsenzym Klasse 3 zur Folge haben.

Die Herstellung erfindungsgemäßer Pflanzenzellen und erfindungsgemäßer Pflanzen kann durch verschiedene, dem Fachmann bekannte Verfahren erzielt werden. Hierzu zählen beispielsweise die Expression einer entsprechenden antisense-RNA, oder eines doppelsträngigen RNA Konstruktes, die Bereitstellung von Molekülen oder Vektoren, die einen Cosuppressionseffekt vermitteln, die Expression eines entsprechend konstruierten Ribozyme, das spezifisch Transkripte spaltet, die ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codieren, oder die sogenannte "in-vivo-Mutagenese". Ferner kann die Verringerung der Verzweigungsenzym Klasse 3 Aktivität in Pflanzenzellen und Pflanzen

auch durch die simultane Expression von sense und antisense RNA Molekülen des jeweiligen zu reprimierenden Zielgens, vorzugsweise des Verzweigungsenzym Klasse 3 Gens, hervorgerufen werden.

Darüberhinaus ist bekannt, dass *in planta* die Bildung von doppelsträngigen RNA-Molekülen von Promotorsequenzen *in trans* zu einer Methylierung und einer transkriptionellen Inaktivierung homologer Kopien dieses Promoters führen kann (Mette et al., EMBO J. 19, (2000), 5194-5201).

Eine weitere Möglichkeit die enzymatische Aktivität von Proteinen in Pflanzenzellen oder Pflanzen zu verringern, ist die Methode der sogenannten Immunomodulation. Es 10 ist bekannt, dass eine *in planta* Expression von Antikörpern, die ein pflanzliches Protein spezifisch erkennen, durch Ausbildung eines Protein Antikörper Komplexes eine Verringerung der Aktivität betreffender Proteine in entsprechenden Pflanzenzellen zur Folge hat (Conrad und Manteufel, Trends in Plant Science 6, (2001), 399-402; De Jaeger et al., Plant Molecular Biology 43, (2000), 419-428; Jobling et al., Nature Biotechnology 21, (2003), 77-80).

Alle diese Verfahren basieren auf der Einführung eines fremden oder mehrerer fremder Nukleinsäuremoleküle in das Genom von Pflanzenzellen oder Pflanzen und sind daher grundsätzlich geeignet, erfindungsgemäße Pflanzenzellen und erfindungsgemäße Pflanzen herzustellen.

20

Zur Inhibierung der Genexpression mittels antisense- oder cosuppressions-Technologie kann beispielsweise ein DNA-Molekül verwendet werden, das die gesamte für ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codierende Sequenz einschließlich eventuell vorhandener flankierender Sequenzen umfaßt, als auch DNA-Moleküle, die nur Teile 25 der codierenden Sequenz umfassen, wobei diese Teile lang genug sein müssen, um in den Zellen einen antisense-Effekt bzw. cosuppressions-Effekt zu bewirken. Geeignet sind im allgemeinen Sequenzen bis zu einer Mindestlänge von 21 bp, vorzugsweise einer Mindestlänge von mindesten 100 bp, besonders bevorzugt von mindestens 500 bp. Beispielsweise weisen die DNA Moleküle eine Länge von 21-100 bp, bevorzugt von 30 100-500 bp, besonders bevorzugt über 500 bp auf.

Für antisense- oder cosuppressions-Ansätze geeignet ist auch die Verwendung von DNA-Sequenzen, die einen hohen Grad an Identität zu den endogen in der Pflanzenzelle vorkommenden Sequenzen haben, und die Verzweigungsenzyme Klasse 3 codieren. Die minimale Identität sollte größer als ca. 65 %, vorzugsweise größer als 5 80% sein. Die Verwendung von Sequenzen mit Identitäten von mindestens 90%, insbesondere zwischen 95% und 100% ist zu bevorzugen. Die Bedeutung des Begriffs „Identität“ wird an anderer Stelle definiert.

Ferner ist zur Erzielung eines antisense- oder eines cosuppressions-Effektes auch die 10 Verwendung von Introns, d.h. von nicht-codierenden Bereichen von Genen, die für Verzweigungsenzyme Klasse 3 codieren, denkbar.

Die Verwendung von Intron-Sequenzen zur Inhibierung der Genexpression von Genen, die für Proteine der Stärkebiosynthese codieren, wurde beschrieben in den internationalen Patentanmeldungen WO97/04112, WO97/04113, WO98/37213, 15 WO98/37214.

Dem Fachmann ist bekannt, wie er einen antisense- und einen cosuppressions- Effekt erzielen kann. Das Verfahren der cosuppressions-Inhibierung wurde beispielsweise beschrieben in Jorgensen (Trends Biotechnol. 8 (1990), 340-344), Niebel et al., (Curr. 20 Top. Microbiol. Immunol. 197 (1995), 91-103), Flavell et al. (Curr. Top. Microbiol. Immunol. 197 (1995), 43-46), Palaqui und Vaucheret (Plant. Mol. Biol. 29 (1995), 149-159), Vaucheret et al., (Mol. Gen. Genet. 248 (1995), 311-317), de Borne et al. (Mol. Gen. Genet. 243 (1994), 613-621).

25 Auch die Expression von Ribozymen zur Verringerung der Aktivität von bestimmten Enzymen in Zellen ist dem Fachmann bekannt und ist beispielsweise beschrieben in EP-B1 0321201. Die Expression von Ribozymen in pflanzlichen Zellen wurde z.B. beschrieben in Feyter et al. (Mol. Gen. Genet. 250, (1996), 329-338).

30 Die Verringerung der Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 in erfindungsgemäßen Pflanzenzellen und erfindungsgemäßen Pflanzen kann auch durch

die simultane Expression von sense und antisense RNA Molekülen (RNAi Technologie) des jeweiligen zu reprimierenden Zielgens, vorzugsweise des Verzweigungsenzym Klasse 3 Gens, hervorgerufen werden.

Dies kann beispielsweise durch die Verwendung von chimären Konstrukten erreicht
5 werden, die „inverted repeats“ des jeweiligen Zielgens oder Teilen des Zielgens enthalten. Hierbei codieren die chimären Konstrukte für sense und antisense RNA Moleküle des jeweiligen Zielgens. Sense und antisense RNA werden *in planta* gleichzeitig als ein RNA-Molekül synthetisiert, wobei sense und antisense RNA durch einen Spacer voneinander getrennt sein und ein doppelsträngiges RNA-Molekül bilden
10 können.

Es konnte gezeigt werden, dass die Einführung von inverted-repeat-DNA-Konstrukten in das Genom von Pflanzenzellen oder Pflanzen eine sehr effiziente Methode ist, um die zu den inverted-repeat-DNA-Konstrukten korrespondierenden Gene zu reprimieren (Waterhouse et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 95, (1998), 13959-13964; Wang and
15 Waterhouse, Plant Mol. Biol. 43, (2000), 67-82; Singh et al., Biochemical Society Transactions Vol. 28 part 6 (2000), 925- 927; Liu et al., Biochemical Society Transactions Vol. 28 part 6 (2000), 927-929); Smith et al., (Nature 407, (2000), 319-320; internationale Patentanmeldung WO99/53050 A1). Sense und antisense Sequenzen des Zielgens bzw. der Zielgene können auch getrennt voneinander mittels
20 gleicher oder unterschiedlicher Promotoren exprimiert werden (Nap, J-P et al, 6th International Congress of Plant Molecular Biology, Quebec, 18.-24. Juni, 2000; Poster S7-27, Vortrag Session S7).

Die Verringerung der Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 in
25 erfindungsgemäßen Pflanzenzellen oder erfindungsgemäßen Pflanzen kann somit auch durch die Erzeugung doppelsträngiger RNA-Moleküle, erreicht werden. Vorzugsweise werden hierzu „inverted repeats“ von DNA-Molekülen von Verzweigungsenzym Klasse 3 Genen oder -cDNAs in das Genom von Pflanzen eingeführt, wobei die zu transkribierenden DNA-Moleküle (Verzweigungsenzym Klasse 3 Gen oder -cDNA oder
30 Fragmente dieser Gene oder cDNAs) unter Kontrolle eines Promoters stehen, der die Expression besagter DNA-Moleküle steuert.

Darüberhinaus ist bekannt, dass die Bildung von doppelsträngigen RNA-Molekülen von Promotor-DNA-Molekülen in Pflanzen *in trans* zu einer Methylierung und einer transkriptionellen Inaktivierung homologer Kopien dieser Promotoren führen kann, die

- 5 im folgenden als Zielpromotoren bezeichnet werden sollen (Mette et al., EMBO J. 19, (2000), 5194-5201).

Über die Inaktivierung des Zielpromotors ist es somit möglich, die Genexpression eines bestimmten Zielgens (z.B. Verzweigungsenzym V Gen), das natürlicherweise unter der Kontrolle dieses Zielpromotors steht, zu verringern.

- 10 D.h., die DNA-Moleküle, die die Zielpromotoren der zu reprimierenden Gene (Zielgene) umfassen, werden in diesem Fall, im Gegensatz zur ursprünglichen Funktion von Promotoren in Pflanzen, nicht als Steuerelemente zur Expression von Genen oder cDNAs, sondern selbst als transkribierbare DNA-Moleküle verwendet.

Zur Erzeugung der doppelsträngigen Zielpromotor-RNA-Moleküle *in planta*, die dort als

- 15 RNA-Haarnadel-Moleküle (RNA hairpin) vorliegen können, werden vorzugsweise Konstrukte verwendet, die „inverted repeats“ der Zielpromotor-DNA-Moleküle enthalten, wobei die Zielpromotor-DNA-Moleküle unter Kontrolle eines Promotors stehen, der die Genexpression besagter Zielpromotor-DNA-Moleküle steuert. Anschließend werden diese Konstrukte in das Genom von Pflanzen eingeführt. Die Expression der „inverted 20 repeats“ besagter Zielpromotor-DNA-Moleküle führt *in planta* zur Bildung doppelsträngiger Zielpromotor-RNA-Moleküle (Mette et al., EMBO J. 19, (2000), 5194-5201). Hierdurch kann der Zielpromotor inaktiviert werden.

- Die Verringerung der Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 in erfindungsgemäßen Pflanzenzellen und erfindungsgemäßen Pflanzen kann somit auch 25 durch die Erzeugung doppelsträngiger RNA-Moleküle von Promotorsequenzen von Verzweigungsenzym Klasse 3 Genen erreicht werden. Vorzugsweise werden hierzu „inverted repeats“ von Promotor-DNA-Molekülen von Verzweigungsenzym Klasse 3 Genen in das Genom von Pflanzen eingeführt, wobei die zu transkribierenden Zielpromotor-DNA-Moleküle (Promotor eines Verzweigungsebzym Klasse 3 Gens) unter 30 Kontrolle eines Promotors stehen, der die Expression besagter Zielpromotor-DNA-Moleküle steuert.

Zur Inhibierung der Genexpression mittels simultaner Expression von sense und antisense RNA Molekülen (RNAi Technologie) kann beispielsweise ein DNA-Molekül verwendet werden, das die gesamte für ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codierende Sequenz einschließlich eventuell vorhandener flankierender Sequenzen umfaßt, als auch DNA-Moleküle, die nur Teile der codierenden Sequenz umfassen, wobei diese Teile lang genug sein müssen, um in den Zellen einen sogenannten RNAi-Effekt zu bewirken. Geeignet sind im allgemeinen Sequenzen mit einer Mindestlänge von 40 bp, vorzugsweise einer Mindestlänge von mindesten 100 bp, besonders bevorzugt von 10 mindestens 500 bp. Beispielsweise weisen die DNA Moleküle eine Länge von 21-100 bp, bevorzugt von 100-500 bp auf.

Für simultane Expression von sense und antisense RNA Molekülen (RNAi Technologie) geeignet ist auch die Verwendung von DNA-Sequenzen, die einen hohen Grad an Identität zu den endogen in der Pflanzenzelle vorkommenden Sequenzen haben, und die Verzweigungsenzyme Klasse 3 codieren. Die minimale Identität sollte größer als ca. 15 65 %, vorzugsweise größer als 80% sein. Die Verwendung von Sequenzen mit Identitäten von mindestens 90%, insbesondere zwischen 95% und 100% ist besonders zu bevorzugen.

20 Ferner kann die Verringerung der Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 in erfindungsgemäßigen Pflanzenzellen und erfindungsgemäßigen Pflanzen auch durch die sogenannte "in vivo-Mutagenese" erreicht werden, bei der durch Transformation von Zellen ein hybrides RNA-DNA-Oligonucleotid ("Chimeroplast") in Pflanzenzellen eingeführt wird (Kipp, P.B. et al., Poster Session beim " 5th International Congress of Plant Molecular Biology, 21.-27. September 1997, Singapore; R. A. Dixon und C.J. Arntzen, Meeting report zu "Metabolic Engineering in Transgenic Plants", Keystone Symposia, Copper Mountain, CO, USA, TIBTECH 15, (1997), 441-447; internationale Patentanmeldung WO 9515972; Kren et al., Hepatology 25, (1997), 1462-1468; Cole-Strauss et al., Science 273, (1996), 1386-1389; Beetham et al., 1999, PNAS 96, 8774-30 8778).

Ein Teil der DNA-Komponente des RNA-DNA-Oligonucleotids ist homolog zu einer Nukleinsäuresequenz eines endogenen Verzweigungsenzym Klasse 3 Gens, weist jedoch im Vergleich zur Nukleinsäuresequenz eines endogenen Verzweigungsenzym Klasse 3 Gens eine Mutation auf oder enthält eine heterologe Region, die von den 5 homologen Regionen umschlossen ist.

Durch Basenpaarung der homologen Regionen des RNA-DNA-Oligonucleotids und des endogenen Nukleinsäuremoleküls, gefolgt von homologer Rekombination, kann die in der DNA-Komponente des RNA-DNA-Oligonucleotids enthaltene Mutation oder heterologe Region in das Genom einer Pflanzenzelle übertragen werden. Dies führt zu 10 einer Verringerung der Aktivität eines oder mehrerer Verzweigungsenzyme Klasse 3.

Dem Fachmann ist bekannt, dass er die Aktivität von Verzweigungsenzymen Klasse 3 durch die Expression von nicht-funktionellen Derivaten insbesondere trans-dominanten Mutanten solcher Proteine und/oder durch die Expression von Antagonisten/Inhibitoren 15 solcher Proteine erreichen kann.

Antagonisten/Inhibitoren solcher Proteine umfassen beispielsweise Antikörper, Antikörperfragmente oder Moleküle mit ähnlichen Bindungseigenschaften. Beispielsweise wurde ein cytoplasmatischer scFv Antikörper eingesetzt, um die Aktivität des Phytochrom A Proteins in gentechnisch veränderten Tabakpflanzen zu modulieren 20 (Owen, Bio/Technology 10 (1992), 790-4; Review: Franken, E, Teuschel, U. und Hain, R., Current Opinion in Biotechnology 8, (1997), 411-416; Whitelam, Trends Plant Sci. 1 (1996), 268-272; Conrad und Manteufel, Trends in Plant Science 6, (2001), 399-402; De Jaeger et al., Plant Molecular Biology 43, (2000), 419-428) Die Verringerung der Aktivität eines Verzweigungsenzyms in Kartoffelpflanzen mittels der Expression eines 25 spezifischen Antikörpers wurde von Jobling et al. (Nature Biotechnology 21, (2003), 77-80) beschrieben. Dabei wurde der Antikörper mit einer plastidären Targetsequenz versehen, so dass die Inhibierung von in Plastiden lokalisierten Proteinen gewährleistet war.

30 Im Zusammenhang mit der vorliegenden Erfindung können erfindungsgemäß Pflanzenzellen und Pflanzen auch durch die Verwendung der sogenannter

Insertionsmutagenese (Übersichtsartikel: Thorneycroft et al., 2001, Journal of experimental Botany 52 (361), 1593-1601) hergestellt werden. Unter Insertionsmutagenese ist insbesondere das Inserieren von Transposons oder sogenannter Transfer DNA (T-DNA) in ein Gen codierend für ein Verzweigungsenzym 5 Klasse 3 zu verstehen, wobei dadurch die Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 in der betreffenden Zelle verringert wird.

Bei den Transposons kann es sich dabei sowohl um solche handeln, die in der Zelle natürlicherweise vorkommen (endogene Transposons), als auch um solche, die 10 natürlicherweise nicht in besagter Zelle vorkommen, sondern mittels gentechnischer Methoden, wie z.B. Transformation der Zelle, in die Zelle eingeführt wurden (heterologe Transposons). Die Veränderung der Expression von Genen mittels Transposons ist dem Fachmann bekannt. Eine Übersicht über die Nutzung von endogenen und heterologen Transposons als Werkzeuge in der Pflanzenbiotechnologie ist in 15 Ramachandran und Sundaresan (2001, Plant Physiology and Biochemistry 39, 234-252) dargestellt. Die Möglichkeit, Mutanten zu identifizieren, bei welchen spezifische Gene durch Transposoninsertionsmutagenese inaktiviert wurden, ist in einer Übersicht von Maes et al. (1999, Trends in Plant Science 4 (3), 90-96) dargestellt. Die Erzeugung von Reismutanten mit Hilfe endogener Transposons ist von Hirochika (2001, Current 20 Opinion in Plant Biology 4, 118-122) beschrieben. Die Identifizierung von Maisgenen, mit Hilfe endogener Retrotransposons wird z.B. von Hanley et al. (2000, The Plant Journal 22 (4), 557-566) dargestellt. Die Möglichkeit Mutanten mit Hilfe von Retrotransposons herzustellen und Methoden, Mutanten zu identifizieren, sind von Kumar und Hirochika (2001, Trends in Plant Science 6 (3), 127-134) beschrieben. Die 25 Aktivität von heterologen Transposons in unterschiedlichen Spezies, ist sowohl für dikotyledone, als auch für monokotyledone Pflanzen beschrieben worden: z.B. für Reis (Greco et al., 2001, Plant Physiology 125, 1175-1177; Liu et al., 1999, Molecular and General Genetics 262, 413-420; Hiroyuki et al., 1999, The Plant Journal 19 (5), 605-613; Jeon und Gynheung, 2001, Plant Science 161, 211-219), Gerste (2000, Koprek et 30 al., The Plant Journal 24 (2), 253-263) *Arabidopsis thaliana* (Aarts et al., 1993, Nature 363, 715-717, Schmidt und Willmitzer, 1989, Molecular and General Genetics 220, 17-

24; Altmann et al., 1992, *Theoretical and Applied Genetics* 84, 371-383; Tissier et al., 1999, *The Plant Cell* 11, 1841-1852), Tomate (Belzile und Yoder, 1992, *The Plant Journal* 2 (2), 173-179) und Kartoffel (Frey et al., 1989, *Molecular and General Genetics* 217, 172-177; Knapp et al., 1988, *Molecular and General Genetics* 213, 285-290).

5

Grundsätzlich können die erfindungsgemäßen Pflanzenzellen und erfindungsgemäßen Pflanzen sowohl mit Hilfe homologer, als auch heterologer Transposons hergestellt werden, wobei unter Verwendung von homologen Transposons auch solche zu verstehen sind, die bereits natürlicherweise im entsprechenden Wildtyp-Pflanzengenom vorhanden sind.

Die T-DNA Insertionsmutagenese beruht darauf, dass bestimmte Abschnitte (T-DNA) von Ti-Plasmiden aus *Agrobacterium* in das Genom von pflanzlichen Zellen integrieren können. Der Ort der Integration in das pflanzliche Chromosom ist dabei nicht festgelegt, sondern kann an jeder beliebigen Stelle erfolgen. Integriert die T-DNA in einen Abschnitt des Chromosoms, der eine Genfunktion darstellt, so kann dieses zur Veränderung der Genexpression und damit auch zur Änderung der Aktivität eines durch das betreffende Gen codierte Protein führen. Insbesondere führt die Integration einer T-DNA in den codierenden Bereich eines Proteins häufig dazu, dass das entsprechende Protein von der betreffenden Zelle gar nicht mehr oder nicht mehr in aktiver Form synthetisiert werden kann. Die Verwendung von T-DNA Insertionen zur Erzeugung von Mutanten ist z.B. für *Arabidopsis thaliana* (Krysan et al., 1999, *The Plant Cell* 11, 2283-2290; Atipiroz-Leehan und Feldmann, 1997, *Trends in genetics* 13 (4), 152-156; Parinov und Sundaresan, 2000, *Current Opinion in Biotechnology* 11, 157-161) und Reis (Jeon und An, 2001, *Plant Science* 161, 211-219; Jeon et al., 2000, *The Plant Journal* 22 (6), 561-570) beschrieben. Methoden zur Identifizierung von Mutanten, die mit Hilfe der T-DNA Insertionsmutagenese erzeugt wurden, sind u.a. beschrieben von Young et al.,(2001, *Plant Physiology* 125, 513-518), Parinov et al. (1999, *The Plant cell* 11, 2263-2270), Thorneycroft et al. (2001, *Journal of Experimental Botany* 52, 1593-1601), und McKinney et al. (1995, *The Plant Journal* 8 (4),613-622).

Die T-DNA Mutagenese ist grundsätzlich zur Erzeugung der erfindungsgemäßen Pflanzenzellen und Pflanzen, die eine verminderte Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 aufweisen, geeignet.

- 5 Es wurde überraschenderweise gefunden, dass erfindungsgemäße Pflanzenzellen und erfindungsgemäße Pflanzen eine modifizierte Stärke synthetisieren im Vergleich zu Stärke von entsprechenden nicht genetisch modifizierten Wildtyp-Pflanzenzellen bzw. Wildtyp-Pflanzen.
- 10 Die erfindungsgemäßen Pflanzenzellen und erfindungsgemäßen Pflanzen synthetisieren eine modifizierte Stärke, die in ihren physikalisch-chemischen Eigenschaften, insbesondere dem Amylosegehalt bzw. dem Amylose/Amylopektin-Verhältnis, dem Verzweigungsgrad, der durchschnittlichen Kettenlänge, der Seitenkettenverteilung, dem Viskositätsverhalten, der Gelfestigkeit, der 15 Stärkekorngröße und/oder der Stärkekornmorphologie im Vergleich zu in Wildtyp-Pflanzenzellen bzw. -Pflanzen synthetisierter Stärke verändert ist, so dass diese für spezielle Verwendungszwecke besser geeignet ist.

- 20 Daher umfasst die vorliegende Erfindung auch erfindungsgemäße Pflanzenzellen und erfindungsgemäße Pflanzen, die eine modifizierte Stärke synthetisieren.

Ferner sind Gegenstand der Erfindung genetisch modifizierte Pflanzen, die erfindungsgemäße Pflanzenzellen enthalten. Derartige Pflanzen können durch Regeneration aus erfindungsgemäßen Pflanzenzellen erzeugt werden.

- 25 Bei den erfindungsgemäßen Pflanzen kann es sich prinzipiell um Pflanzen jeder beliebigen Pflanzenspezies handeln, d.h. sowohl um monokotyle als auch dikotyle Pflanzen. Bevorzugt handelt es sich um Nutzpflanzen, d.h. Pflanzen, die vom Menschen kultiviert werden für Zwecke der Ernährung oder für technische, insbesondere industrielle Zwecke.

In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform ist die erfindungsgemäße Pflanze, eine stärkespeichernde Pflanze.

5 In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform betrifft die vorliegende Erfindung erfindungsgemäße stärkespeichernde Pflanzen der Gattung *Solanum*, insbesondere *Solanum tuberosum*.

Der Begriff "stärkespeichernde Pflanzen" umfasst alle Pflanzen mit stärkespeichernden Pflanzenteilen, wie z.B. Mais, Reis, Weizen, Roggen, Hafer, Gerste, Maniok, Kartoffel,
10 Sago, Mungbohne, Erbse, oder Sorghum. Bevorzugte stärkespeichernde Pflanzenteile sind z.B. Knollen, Speicherwurzeln und Körner enthaltend ein Endosperm, besonders bevorzugt sind Knollen.

15 Der Begriff „Kartoffelpflanze“ oder „Kartoffel“ meint im Zusammenhang mit der vorliegenden Erfindung Pflanzenspezies der Gattung *Solanum*, besonders Knollen produzierende Spezies der Gattung *Solanum* und insbesondere *Solanum tuberosum*.

Die vorliegende Erfindung betrifft auch Vermehrungsmaterial erfindungsgemäßer Pflanzen, enthaltend eine erfindungsgemäße Pflanzenzelle.
20 Der Begriff „Vermehrungsmaterial“ umfasst dabei jene Bestandteile der Pflanze, die geeignet sind zur Erzeugung von Nachkommen auf vegetativem oder sexuellem Weg. Für die vegetative Vermehrung eignen sich beispielsweise Stecklinge, Calluskulturen, Rhizome oder Knollen. Anderes Vermehrungsmaterial umfasst beispielsweise Früchte,
25 Samen, Sämlinge, Protoplasten, Zellkulturen, etc. Vorzugsweise handelt es sich bei dem Vermehrungsmaterial um Samen und besonders bevorzugt um Knollen.

In einer weiteren Ausführungsform betrifft die vorliegende Erfindung erntebare Pflanzenteile erfindungsgemäßer Pflanzen, wie Früchte, Speicherwurzeln, Wurzeln, Blüten, Knospen, Sprosse oder Stämme, vorzugsweise Samen oder Knollen, wobei diese erntebaren Teile mindestens eine erfindungsgemäße Pflanzenzelle enthalten.

5

Weiterhin betrifft die vorliegende Erfindung auch ein Verfahren zur Herstellung einer erfindungsgemäßen Pflanze, worin

- a) eine Pflanzenzelle genetisch modifiziert wird, wobei die genetische Modifikation zur Verringerung der Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 im Vergleich zu entsprechenden nicht genetisch modifizierten Wildtyp-Pflanzenzellen führt;
 - 10 b) aus Pflanzenzellen von Schritt a) eine Pflanze regeneriert wird; und
 - c) gegebenenfalls weitere Pflanzen mit Hilfe der Pflanzen nach Schritt b) erzeugt werden.
- 15 Für die laut Schritt a) in die Pflanzenzelle eingeführte genetische Modifikation gilt, dass es sich grundsätzlich um jede Art von genetischer Modifikation handeln kann, die zur Verringerung der Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 führt.

Die Regeneration der Pflanzen gemäß Schritt (b) kann nach dem Fachmann bekannten Methoden erfolgen (z.B. beschrieben in „Plant Cell Culture Protocols“, 1999, edt. by R.D. Hall, Humana Press, ISBN 0-89603-549-2).

Die Erzeugung weiterer Pflanzen gemäß Schritt (c) des erfindungsgemäßen Verfahrens kann z.B. erfolgen durch vegetative Vermehrung (beispielsweise über Stecklinge, Knollen oder über Calluskultur und Regeneration ganzer Pflanzen) oder durch sexuelle Vermehrung. Die sexuelle Vermehrung findet dabei vorzugsweise kontrolliert statt, d.h. es werden ausgewählte Pflanzen mit bestimmten Eigenschaften miteinander gekreuzt und vermehrt.

30 in einer bevorzugten Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens besteht die genetische Modifikation in der Einführung eines fremden Nucleinsäuremoleküls in das

Genom der Pflanzenzelle, wobei das Vorhandensein oder die Expression besagten fremden Nucleinsäuremoleküls zu einer verringerten Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 in der Zelle führt.

- 5 Hinsichtlich der „Einführung eines fremden Nucleinsäuremoleküls“ gelten die im Zusammenhang mit erfindungsgemäßen Pflanzenzellen und erfindungsgemäßen Pflanzen gemachten Ausführungen.

In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform wird das erfindungsgemäße Verfahren
10 zur Erzeugung erfindungsgemäßer Kartoffelpflanzen verwendet.

In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens, ist das fremde Nukleinsäuremolekül ausgewählt, aus der Gruppe bestehend aus

- 15 a) Nucleinsäuremolekülen, die ein Protein mit der unter Seq ID NO 4 angegebenen Aminosäuresequenz codieren;
- b) Nucleinsäuremolekülen, die ein Protein codieren, dessen Aminosäuresequenz eine Identität von mindestens 50% zu der unter SEQ ID NO 4 angegebenen Aminosäuresequenz aufweist;
- c) Nucleinsäuremolekülen, die die unter Seq ID NO. 3 dargestellte Nucleotidsequenz oder eine komplementäre Sequenz umfassen;
- d) Nucleinsäuremolekülen, deren Nucleinsäuresequenz zu den unter a) oder c) beschriebenen Nucleinsäuresequenzen eine Identität von mindestens 50% aufweist;
- e) Nucleinsäuremolekülen, welche mit mindestens einem Strang der unter a) oder c) beschriebenen Nucleinsäuremoleküle unter stringenten Bedingungen hybridisieren;
- f) Nucleinsäuremolekülen, deren Nucleotidsequenz aufgrund der Degeneration des genetischen Codes von der Sequenz der unter a), b), c), d), e) oder f) genannter Nucleinsäuremoleküle abweicht; und

- g) Nucleinsäuremolekülen, die Fragmente, allelische Varianten und/oder Derivate der unter a), b), c), d), e) oder f) genannten Nucleinsäuremolekülen darstellen.

- In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens ist
- 5 das fremde Nukleinsäuremolekül ausgewählt, aus der Gruppe bestehend aus
- a) DNA-Molekülen, die mindestens eine antisense-RNA codieren, welche eine Verringerung der Expression von mindestens einem endogenen Gen bewirkt, das ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codiert;
 - b) DNA-Molekülen, die über einen Cosuppressionseffekt zu Verringerung der Expression von mindestens einem endogenen Gen führen, das ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codiert;
 - c) DNA-Molekülen, die mindestens ein Ribozym codieren, das spezifisch Transkripte von mindestens einem endogenen Gen spaltet, das ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codiert,
 - 15 d) DNA-Molekülen, die simultan mindestens eine antisense-RNA und mindestens eine sense-RNA codieren, wobei besagte antisense-RNA und besagte sense-RNA ein doppelsträngiges RNA-Molekül ausbilden, das eine Verringerung der Expression von mindestens einem endogenen Gen bewirkt, das ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codiert (RNAi Technologie);
 - e) Mittels in vivo-Mutagenese eingeführte Nucleinsäuremoleküle, die zu einer Mutation oder einer Insertion einer heterologen Sequenz in mindestens einem endogenen Verzweigungsenzym Klasse 3 codierenden Gen führen, wobei die Mutation oder Insertion eine Verringerung der Expression eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 codierenden Gens bewirkt, oder die Synthese von inaktiven Verzweigungsenzym Klasse 3 zur Folge hat;
 - f) Nucleinsäuremolekülen, die einen Antikörper codieren, wobei der Antikörper durch die Bindung an ein Verzweigungsenzym Klasse 3 eine Verringerung der Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 zur Folge hat,
 - 25 g) DNA Molekülen, die Transposons enthalten, wobei die Integration dieser Transposons zu einer Mutation oder einer Insertion in mindestens einem

- endogenen Verzweigungsenzym Klasse 3 codierenden Gen führt, welches eine Verringerung der Expression von mindestens einem ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codierenden Gens bewirkt, oder die Synthese von inaktiven Verzweigungsenzymen Klasse 3 zur Folge hat; und/oder
- 5 h) T-DNA Molekülen, die durch Insertion in mindestens einem endogenen Verzweigungsenzym Klasse 3 codierenden Gen eine Verringerung der Expression von mindestens einem Verzweigungsenzym Klasse 3 codierenden Gen bewirken, oder die Synthese von inaktivem Verzweigungsenzym Klasse 3 zur Folge haben.
- 10 In einer weiteren Ausführungsform des erfindungsgemäßigen Verfahrens synthetisieren die erfindungsgemäßigen genetisch modifizierte Pflanzen im Vergleich zu entsprechenden nicht genetisch modifizierten Wildtyp-Pflanzen eine modifizierte Stärke.
- 15 Die vorliegende Erfindung betrifft auch die durch das erfindungsgemäßige Verfahren erhältlichen Pflanzen.
- Es ist auch Aufgabe der vorliegenden Erfindung, Mittel, wie z.B. DNA Moleküle zur Erzeugung von erfindungsgemäßigen Pflanzenzellen und erfindungsgemäßigen Pflanzen,
- 20 die im Vergleich zu nicht genetisch modifizierten Wildtyp-Pflanzenzellen bzw. Wildtyp-Pflanzen eine modifizierte Stärke synthetisieren, zur Verfügung zu stellen.
- Somit betrifft die vorliegende Erfindung auch Nucleinsäuremoleküle codierend für ein Protein mit der enzymatischen Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus
- 25 a) Nucleinsäuremolekülen, die ein Protein mit der unter Seq ID NO 4 angegebenen Aminosäuresequenz codieren;
- b) Nucleinsäuremolekülen, die ein Protein codieren, das die Aminosäuresequenz umfaßt, die von der Insertion in Plasmid DSM 15926 codiert wird;

- c) Nucleinsäuremolekülen, die ein Protein codieren, dessen Sequenz eine Identität von mindestens 70% zu der unter SEQ ID NO 4 angegebener Aminosäuresequenz aufweisen;
- d) Nucleinsäuremolekülen, die ein Protein codieren, dessen Sequenz eine Identität von mindestens 70% zu der Aminosäuresequenz aufweist; die von der Insertion in Plasmid DSM 15926 codiert wird;
- e) Nucleinsäuremolekülen, die die unter Seq ID NO 3 dargestellte Nucleotidsequenz oder eine komplementäre Sequenz umfassen;
- f) Nucleinsäuremolekülen, die die Nucleotidsequenz der im Plasmid DSM 15926 enthaltenen Insertion umfassen;
- g) Nucleinsäuremolekülen, welche zu den unter a), b), d) oder e) beschriebenen Nucleinsäuresequenzen eine Identität von mindestens 70% aufweisen;
- h) Nucleinsäuremolekülen, welche mit mindestens einem Strang der unter a), b), d), e) oder f) beschriebenen Nucleinsäuremolekülen unter stringenten Bedingungen hybridisieren;
- i) Nucleinsäuremolekülen, deren Nucleotidsequenz aufgrund der Degeneration des genetischen Codes von der Sequenz der unter a), b), e) oder f) genannten Nucleinsäuremoleküle abweicht; und
- j) Nucleinsäuremolekülen, die Fragmente, allelische Varianten und/oder Derivate der unter a), b), c), d), e), f), g), h) oder i) genannten Nucleinsäuremolekülen darstellen.

Die in SEQ ID NO 4 dargestellte Aminosäuresequenz codiert ein Protein mit der Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 aus *Solanum tuberosum*.

25

Die von den verschiedenen Varianten der erfindungsgemäßen Nucleinsäuremoleküle codierten Proteine weisen bestimmte gemeinsame Charakteristika auf. Dazu können z.B. biologische Aktivität, Molekulargewicht, immunologische Reaktivität, Konformation etc. gehören, sowie physikalische Eigenschaften wie z.B. das Laufverhalten in Gelelektrophoresen, chromatographisches Verhalten, Sedimentationskoeffizienten,

Löslichkeit, spektroskopische Eigenschaften, Stabilität; pH-Optimum, Temperatur-Optimum etc..

- Das von der unter SEQ ID NO 4 dargestellten Aminosäuresequenz abgeleitete Molekulargewicht des Verzweigungsenzyms Klasse 3 aus *Solanum tuberosum* beträgt
- 5 ca. 103 kDa. Das abgeleitete Molekulargewicht eines erfindungsgemäßen Proteins liegt daher vorzugsweise im Bereich von 85 kDa bis 120 kDa, bevorzugt im Bereich von 95 kDa bis 110 kDa und besonders bevorzugt bei ca. kDa 100 bis 105 kDa.

Die vorliegende Erfindung betrifft Nucleinsäuremoleküle, die ein Protein mit der enzymatischen Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 codieren, wobei das codierte Protein eine Identität von mindestens 70% bevorzugt von mindestens 80%, besonders bevorzugt von mindestens 90% und insbesondere bevorzugt von 95% zu der unter SEQ ID NO 4 angegebenen Aminosäuresequenz aufweist.

- 15 Ein Plasmid enthaltend eine cDNA, die ein Verzweigungsenzym Klasse 3 von *Solanum tuberosum* codiert, wurde nach dem Budapester Vertrag hinterlegt am 15. September 2003 unter der Nummer DSM 15926 bei der Deutschen Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH, Mascheroder Weg 1b, 38124 Braunschweig, Deutschland. Die in SEQ ID NO 4 dargestellte Aminosäuresequenz kann von der 20 codierenden Region der in Plasmid DSM 15926 integrierten cDNA Sequenz abgeleitet werden und codiert für ein Verzweigungsenzym Klasse 3 aus *Solanum tuberosum*. Die vorliegende Erfindung betrifft daher auch Nucleinsäuremoleküle, die ein Protein mit der enzymatischen Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 codieren, das die Aminosäuresequenz umfasst, die von der Insertion in Plasmid DSM 15926 codiert wird,
- 25 wobei das codierte Protein eine Identität von mindestens 70% bevorzugt von mindestens 80%, besonders bevorzugt von mindestens 90% und insbesondere bevorzugt von 95% zu der Aminosäuresequenz, die von der Insertion in DSM 15926 abgeleitet werden kann, aufweist.

Die in SEQ ID NO 3 dargestellte Nucleinsäuresequenz ist eine cDNA Sequenz, die die codierende Region für ein Verzweigungsenzym Klasse 3 aus *Solanum tuberosum* umfaßt.

Die vorliegende Erfindung betrifft daher auch Nucleinsäuremoleküle, die ein
5 Verzweigungsenzym Klasse 3 codieren und die codierende Region der unter Seq ID
NO 3 dargestellten Nucleotidsequenz oder eine komplementäre Sequenz umfassen,
Nucleinsäuremoleküle, die die codierende Region der Nucleotidsequenz der im Plasmid
DSM 15926 enthaltenen Insertion umfassen und Nucleinsäuremoleküle, die zu den
genannten Nucleinsäuremolekülen eine Identität von mindestens 70%, bevorzugt von
10 mindestens 80%, besonders bevorzugt von mindestens 90% und insbesondere
bevorzugt von mindestens 95% aufweisen.

Mit Hilfe der Sequenzinformation des erfindungsgemäß Nucleinsäuremoleküls bzw.
mit Hilfe des erfindungsgemäß Nucleinsäuremoleküls ist es dem Fachmann nun
möglich, homologe Sequenzen aus anderen Pflanzenspezies, vorzugsweise aus
15 stärkespeichernden Pflanzen, bevorzugt aus Pflanzenspezies der Gattung *Solanum*,
besonders bevorzugt aus *Solanum tuberosum* zu isolieren. Dies kann beispielsweise
mit Hilfe konventioneller Methoden, wie dem Durchmustern von cDNA oder
genomischen Banken mit geeigneten Hybridisierungsproben erfolgen. Dem Fachmann
ist bekannt, dass die Isolierung homologer Sequenzen auch mit Hilfe von
20 (degenerierten) Oligonukleotiden und der Verwendung von PCR basierten Methoden
erfolgen kann.

Auch die Durchmusterung von Datenbanken wie sie z.B. von EMBL
(<http://www.ebi.ac.uk/Tools/index.htm>) oder NCBI (National Center for Biotechnology Information, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) zur Verfügung gestellt werden, kann zur
25 Identifizierung von homologen Sequenzen, die für ein Verzweigungsenzym Klasse 3
codieren, dienen. Hierbei wird eine oder werden mehrere Sequenzen als sogenannte
Abfrage (= query) vorgegeben. Diese Abfragesequenz wird dann mittels statistischen
Computerprogrammen mit Sequenzen, die in den ausgewählten Datenbanken enthalten
sind, verglichen. Solche Datenbankabfragen (z.B. blast oder fasta searches) sind dem
30 Fachmann bekannt und können bei verschiedenen Anbietern durchgeführt werden.

Wird eine solche Datenbankabfrage z.B. beim NCBI (National Center for Biotechnology Information, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) durchgeführt, so sollen die Standardeinstellungen, die für die jeweilige Vergleichsanfrage vorgegeben sind, benutzt werden. Für Proteinsequenzvergleiche (blastp) sind diese folgende Einstellungen:

- 5 Limit entrez = nicht aktiviert; Filter = low complexity aktiviert; Expect value = 10; word size = 3; Matrix = BLOSUM62; Gap costs: Existence = 11, Extension = 1.

Für Nucleinsäuresequenzvergleich (blastn) sind folgende Parameter einzustellen: Limit entrez = nicht aktiviert; Filter = low complexity aktiviert; Expect value = 10; word size = 11.

- 10 Bei einer solchen Datenbankrecherche können z.B. die in der vorliegenden Erfindung beschriebenen Sequenzen als Abfragesequenz (query) verwendet werden, um weitere Nucleinsäuremoleküle und/oder Proteine zu identifizieren, die ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codieren.

Mit Hilfe der beschriebenen Methoden ist es auch möglich, erfindungsgemäße

- 15 Nucleinsäuremoleküle zu identifizieren und/oder zu isolieren, die mit der unter SEQ ID NO 3 angegebenen Sequenz hybridisieren und die ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codieren.

Der Begriff "Hybridisierung" bedeutet im Rahmen der vorliegenden Erfindung eine Hybridisierung unter konventionellen Hybridisierungsbedingungen, vorzugsweise unter stringenten Bedingungen, wie sie beispielsweise in Sambrook et al., Molecular Cloning, A Laboratory Manual, 2. Aufl. (1989) Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY) beschrieben sind. Besonders bevorzugt bedeutet "Hybridisierung" eine Hybridisierung unter den folgenden Bedingungen:

- 20 Hybridisierungspuffer: 2xSSC; 10xDenhardt-Lösung (Fikoll 400+PEG+BSA; Verhältnis 1:1:1); 0,1% SDS; 5 mM EDTA; 50 mM Na₂HPO₄; 250 µg/ml Heringssperma DNA; 50 µg/ml tRNA; oder

25 M Natriumphosphatpuffer pH 7,2; 1 mM EDTA; 7% SDS

Hybridisierungstemperatur: T=65 bis 68°C

Waschpuffer: 0,2xSSC; 0,1% SDS

- 30 Waschtemperatur: T=65 bis 68°C.

Nucleinsäuremoleküle, die mit den erfindungsgemäßen Nucleinsäuremolekülen hybridisieren, können prinzipiell aus jeder beliebigen Pflanzenspezies stammen, die ein entsprechendes Protein exprimiert, vorzugsweise stammen sie aus stärkespeichernden Pflanzen, bevorzugt aus Spezies der Gattung *Solanum*, insbesondere bevorzugt aus 5 *Solanum tuberosum*. Nucleinsäuremoleküle, die mit den erfindungsgemäßen Molekülen hybridisieren, können z.B. aus genomischen oder aus cDNA-Bibliotheken isoliert werden. Die Identifizierung und Isolierung derartiger Nucleinsäuremoleküle kann dabei unter Verwendung der erfindungsgemäßen Nucleinsäuremoleküle oder Teile dieser Moleküle bzw. der reversen Komplemente dieser Moleküle erfolgen, z.B. mittels 10 Hybridisierung nach Standardverfahren (siehe z.B. Sambrook et al., 1989, Molecular Cloning, A Laboratory Manual, 2. Aufl. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY) oder durch Amplifikation mittels PCR.

Als Hybridisierungsprobe können z.B. Nucleinsäuremoleküle verwendet werden, die exakt die oder im wesentlichen die unter SEQ ID NO 3 angegebene Nucleotidsequenz 15 oder Teile dieser Sequenz aufweisen. Bei den als Hybridisierungsprobe verwendeten Fragmenten kann es sich auch um synthetische Fragmente oder Oligonukleotide handeln, die mit Hilfe der gängigen Synthesetechniken hergestellt wurden und deren Sequenz im wesentlichen mit der eines erfindungsgemäßen Nucleinsäuremoleküls übereinstimmt. Hat man Gene identifiziert und isoliert, die mit den erfindungsgemäßen 20 Nucleinsäuresequenzen hybridisieren, sollte eine Bestimmung der Sequenz und eine Analyse der Eigenschaften der von dieser Sequenz codierten Proteine erfolgen, um festzustellen, ob es sich um ein Verzweigungsenzym Klasse 3 handelt. Hierzu eignen sich insbesondere Homologievergleiche auf der Ebene der Nucleinsäure- oder Aminosäuresequenz sowie die Bestimmung der enzymatischen Aktivität. Die Aktivität 25 eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 kann z.B. wie oben beschrieben durch Expression in *E. coli* Stämmen, die selbst kein aktives Verzweigungsenzym exprimieren, erfolgen (Kiel et al., 1987 Mol. Gen. Genet. 207: 294-301); Guan et al., 1995, Proc. Natl. Acad. Sci. 92, 964-967).

Die mit den erfindungsgemäßen Nucleinsäuremolekülen hybridisierenden Moleküle 30 umfassen insbesondere Fragmente, Derivate und allelische Varianten der erfindungsgemäßen Nucleinsäuremoleküle, die ein Verzweigungsenzym Klasse 3 aus

Pflanzen, vorzugsweise aus stärkespeichernden Pflanzen, bevorzugt aus Pflanzenspezies der Gattung *Solanum*, insbesondere bevorzugt aus *Solanum tuberosum* codieren. Der Begriff „Derivat“ bedeutet im Zusammenhang mit der vorliegenden Erfindung, dass die Sequenzen dieser Moleküle sich von den Sequenzen der oben beschriebenen Nucleinsäuremoleküle an einer oder mehreren Positionen unterscheiden und einen hohen Grad an Identität zu diesen Sequenzen aufweisen.

Die Abweichungen zu den oben beschriebenen Nucleinsäuremolekülen können dabei z.B. durch Deletion, Addition, Substitution, Insertion oder Rekombination entstanden sein.

10

Identität bedeutet ferner, dass funktionelle und/oder strukturelle Äquivalenz zwischen den betreffenden Nucleinsäuremolekülen oder den durch sie codierten Proteinen, besteht. Bei den Nucleinsäuremolekülen, die homolog zu den oben beschriebenen Molekülen sind und Derivate dieser Moleküle darstellen, handelt es sich in der Regel um Variationen dieser Moleküle, die Modifikationen darstellen, die dieselbe biologische Funktion ausüben. Es kann sich dabei sowohl um natürlicherweise auftretende Variationen handeln, beispielsweise um Sequenzen aus anderen Pflanzenspezies oder um Mutationen, wobei diese Mutationen auf natürliche Weise aufgetreten sein können oder durch gezielte Mutagenese eingeführt wurden. Ferner kann es sich bei den Variationen um synthetisch hergestellte Sequenzen handeln. Bei den allelischen Varianten kann es sich sowohl um natürlich auftretende Varianten handeln, als auch um synthetisch hergestellte oder durch rekombinante DNA-Techniken erzeugte Varianten. Eine spezielle Form von Derivaten stellen z.B. Nucleinsäuremoleküle dar, die auf Grund der Degeneration des genetischen Codes von erfindungsgemäßen Nucleinsäuremolekülen abweichen.

Die von den verschiedenen Derivaten der erfindungsgemäßen Nucleinsäuremoleküle codierten Proteine weisen bestimmte gemeinsame Charakteristika auf. Dazu können z.B. biologische Aktivität, Substratspezifität, Molekulargewicht, immunologische Reaktivität, Konformation etc. gehören, sowie physikalische Eigenschaften wie z.B. das Laufverhalten in Gelelektrophoresen, chromatographisches Verhalten

Sedimentationskoeffizienten, Löslichkeit, spektroskopische Eigenschaften, Stabilität; pH-Optimum, Temperatur-Optimum etc..

- Die erfindungsgemäßen Nucleinsäuremoleküle können beliebige Nucleinsäuremoleküle sein, insbesondere DNA- oder RNA-Moleküle, beispielsweise cDNA, genomische DNA, mRNA etc. Sie können natürlich vorkommende Moleküle sein, oder durch gentechnische oder chemische Syntheseverfahren hergestellte Moleküle. Sie können einzelsträngige Moleküle sein, die entweder den codierenden oder den nicht codierenden Strang enthalten, oder doppelsträngige Moleküle.

10

- Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Nucleinsäuremoleküle von mindestens 21, vorzugsweise mehr als 50 und besonders bevorzugt mehr als 200 Nucleotiden Länge, die spezifisch mit mindestens einem erfindungsgemäßen Nucleinsäuremolekül hybridisieren. Spezifisch hybridisieren bedeutet hierbei, dass diese Moleküle mit 15 Nucleinsäuremolekülen hybridisieren, die ein erfindungsgemäßes Protein codieren, jedoch nicht mit Nucleinsäuremolekülen, die andere Proteine codieren. Insbesondere betrifft die Erfindung solche Nucleinsäuremoleküle, die mit Transkripten von erfindungsgemäßen Nucleinsäuremolekülen hybridisieren und dadurch deren Translation verhindern können. Solche Nucleinsäuremoleküle, die spezifisch mit den 20 erfindungsgemäßen Nucleinsäuremolekülen hybridisieren, können beispielsweise Bestandteile von antisense-, RNAi-, Cosuppressions-Konstrukten oder Ribozymen sein oder können als Primer für die Amplifikation mittels PCR verwendet werden.

- Der Begriff „Identität“ bedeutet im Zusammenhang mit der vorliegenden Erfindung eine 25 Sequenzidentität über die gesamte Länge der codierenden Region von mindestens 60%, insbesondere eine Identität von mindestens 70%, vorzugsweise über 80%, besonders bevorzugt über 90% und insbesondere von mindestens 95%. Unter dem Begriff „Identität“ soll im Zusammenhang mit der vorliegenden Erfindung die Anzahl der übereinstimmenden Aminosäuren/Nucleotide (Identität) mit anderen 30 Proteinen/Nucleinsäuren, ausgedrückt in Prozent verstanden werden. Bevorzugt wird die Identität durch Vergleiche der Seq. ID NO 4 oder SEQ ID NO 3 zu anderen

Proteinen/Nucleinsäuren mit Hilfe von Computerprogrammen ermittelt. Weisen Sequenzen, die miteinander verglichen werden, unterschiedliche Längen auf, ist die Identität so zu ermitteln, dass die Anzahl an Aminosäuren, welche die kürzere Sequenz mit der längeren Sequenz gemeinsam hat, den prozentualen Anteil der Identität

- 5 bestimmt. Vorzugsweise wird die Identität mittels der bekannten und der Öffentlichkeit zur Verfügung stehenden Computerprogramms ClustalW (Thompson et al., Nucleic Acids Research 22 (1994), 4673-4680) ermittelt. ClustalW wird öffentlich zur Verfügung gestellt von Julie Thompson (Thompson@EMBL-Heidelberg.DE) und Toby Gibson (Gibson@EMBL-Heidelberg.DE), European Molecular Biology Laboratory,
- 10 Meyerhofstrasse 1, D 69117 Heidelberg, Germany. ClustalW kann ebenfalls von verschiedenen Internetseiten, u.a. beim IGBMC (Institut de Génétique et de Biologie Moléculaire et Cellulaire, B.P.163, 67404 Illkirch Cedex, France; <ftp://ftp-igbmc.u-strasbg.fr/pub/>) und beim EBI (<ftp://ftp.ebi.ac.uk/pub/software/>) sowie bei allen gespiegelten Internetseiten des EBI (European Bioinformatics Institute, Wellcome Trust
- 15 Genome Campus, Hinxton, Cambridge CB10 1SD, UK), heruntergeladen werden.

Vorzugsweise wird das ClustalW Computerprogramm der Version 1.8 benutzt, um die Identität zwischen erfindungsgemäßen Proteinen und anderen Proteinen zu bestimmen. Dabei sind folgende Parameter einzustellen: KTUPLE=1, TOPDIAG=5, WINDOW=5, PAIRGAP=3, GAPOpen=10, GAPEXTEND=0.05, GAPDIST=8, MAXDIV=40,

- 20 MATRIX=GONNET, ENDGAPS(OFF), NOPGAP, NOHGAP.
- Vorzugsweise wird das ClustalW Computerprogramm der Version 1.8 benutzt, um die Identität zwischen z.B. der Nucleotidsequenz der erfindungsgemäßen Nucleinsäuremoleküle und der Nucleotidsequenz von anderen Nucleinsäuremolekülen zu bestimmen. Dabei sind folgende Parameter einzustellen:

- 25 KTUPLE=2, TOPDIAGS=4, PAIRGAP=5, DNAMATRIX:IUB, GAPOpen=10, GAPEXT=5, MAXDIV=40, TRANSITIONS: unweighted.

- Die erfindungsgemäßen Nukleinsäuremoleküle können grundsätzlich aus jeder Pflanze stammen, vorzugsweise stammen sie aus stärkespeichernden Pflanzen, bevorzugt aus 30 Pflanzenspezies der Gattung *Solanum*, besonders bevorzugt aus *Solanum tuberosum*.

Weiterhin betrifft die Erfindung Vektoren, insbesondere Plasmide, Cosmide, Viren, Bacteriophagen und andere in der Gentechnik gängige Vektoren, die die oben beschriebenen erfindungsgemäßen Nucleinsäuremoleküle enthalten.

- 5 In einer bevorzugten Ausführungsform sind die in den Vektoren enthaltenen erfindungsgemäßen Nucleinsäuremoleküle verknüpft mit regulatorischen Sequenzen, die die Expression in prokaryontischen oder eukaryontischen Zellen gewährleisten. Der Begriff "Expression" kann dabei Transkription als auch Transkription und Translation bedeuten. Die erfindungsgemäßen Nucleinsäuremoleküle können dabei zu den
- 10 regulatorischen Sequenzen in „sense“-Orientierung, und/oder in „antisense“-Orientierung vorliegen.

Regulatorische Sequenzen zur Expression in prokaryontischen Organismen, z.B. *E. coli*, und in eukaryontischen Organismen sind ausreichend in der Literatur beschrieben,

- 15 insbesondere solche zur Expression in Hefe, wie z. B. *Saccharomyces cerevisiae*. Eine Übersicht verschiedener Systeme zur Expression für Proteine in verschiedenen Wirtsorganismen findet man z. B. in Methods in Enzymology 153 (1987), 383-516 und in Bitter et al. (Methods in Enzymology 153 (1987), 516-544).
- 20 Zur Expression der Nucleinsäuremoleküle, die ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codieren, in sense- und/oder antisense-Orientierung in pflanzlichen Zellen werden diese vorzugsweise mit regulatorischen DNA-Sequenzen verknüpft, die die Transkription in pflanzlichen Zellen gewährleisten. Hierzu zählen insbesondere Promotoren. Generell kommt für die Expression jeder in pflanzlichen Zellen aktive Promotor in Frage.
- 25 Der Promotor kann dabei so gewählt sein, dass die Expression konstitutiv erfolgt oder nur in einem bestimmten Gewebe, zu einem bestimmten Zeitpunkt der Pflanzenentwicklung oder zu einem durch äußere Einflüsse determinierten Zeitpunkt. Sowohl in Bezug auf die Pflanze als auch in Bezug auf das Nucleinsäuremolekül kann der Promotor homolog oder heterolog sein.
- 30 Geeignete Promotoren sind z.B. der Promotor der 35S RNA des Cauliflower Mosaic Virus und der Ubiquitin-Promotor aus Mais für eine konstitutive Expression, der

- Patatingen-Promotor B33 (Rocha-Sosa et al., EMBO J. 8 (1989), 23-29) für eine knollenspezifische Expression in Kartoffeln oder ein Promotor, der eine Expression lediglich in photosynthetisch aktiven Geweben sicherstellt, z.B. der ST-LS1-Promotor (Stockhaus et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 84 (1987), 7943-7947; Stockhaus et al.,
5 EMBO J. 8 (1989), 2445-2451) oder für eine endosperm-spezifische Expression der HMG-Promotor aus Weizen, der USP-Promotor, der Phaseolinpromotor, Promotoren von Zein-Genen aus Mais (Pedersen et al., Cell 29 (1982), 1015-1026; Quattroccio et al., Plant Mol. Biol. 15 (1990), 81-93), Glutelin-Promotor (Leisy et al., Plant Mol. Biol. 14 (1990), 41-50; Zheng et al., Plant J. 4 (1993), 357-366; Yoshihara et al., FEBS Lett. 383
10 (1996), 213-218) oder Shrunken-1 Promotor (Werr et al., EMBO J. 4 (1985), 1373-1380). Es können jedoch auch Promotoren verwendet werden, die nur zu einem durch äußere Einflüsse determinierten Zeitpunkt aktiviert werden (siehe beispielsweise WO 9307279). Von besonderem Interesse können hierbei Promotoren von heat-shock Proteinen sein, die eine einfache Induktion erlauben. Ferner können samenspezifische
15 Promotoren verwendet werden, wie z.B. der USP-Promoter aus *Vicia faba*, der eine samenspezifische Expression in *Vicia faba* und anderen Pflanzen gewährleistet (Fiedler et al., Plant Mol. Biol. 22 (1993), 669-679; Bäumlein et al., Mol. Gen. Genet. 225 (1991), 459-467).

20 Ferner kann eine Terminationssequenz (Polyandenylierungssignal) vorhanden sein, die der Addition eines Poly-A-Schwanzes an das Transkript dient. Dem Poly-A-Schwanz wird eine Funktion bei der Stabilisierung der Transkripte beigemessen. Derartige Elemente sind in der Literatur beschrieben (vgl. Gielen et al., EMBO J. 8 (1989), 23-29) und sind beliebig austauschbar.

25 In einer weiteren Ausführungsform betrifft die vorliegende Erfindung Vektoren, die DNA-Moleküle enthalten, die mindestens eine antisense-RNA codieren, welche eine Verringerung der Expression von mindestens einem endogenen Gen bewirkt, das ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codiert.

30

In einer weiteren speziellen Ausführungsform betrifft die vorliegende Erfindung Vektoren, die DNA-Moleküle enthalten, die über einen Cosuppressionseffekt zu Verringerung der Expression von mindestens einem endogenen Gen führen, das ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codiert.

5

In einer weiteren Ausführungsform betrifft die vorliegende Erfindung Vektoren, die DNA-Moleküle enthalten, die mindestens ein Ribozym codieren, das spezifisch Transkripte von mindestens einem endogenen Gen spaltet, das ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codiert.

10

In einer weiteren Ausführungsform betrifft die vorliegende Erfindung Vektoren, die DNA-Moleküle enthalten, die simultan mindestens eine antisense-RNA und mindestens eine sense-RNA codieren, wobei besagte antisense-RNA und besagte sense-RNA ein doppelsträngiges RNA-Molekül ausbilden, das eine Verringerung der Expression von 15 mindestens einem endogenen Gen bewirkt, das ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codiert (RNAi Technologie).

20

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist eine Wirtszelle, insbesondere eine prokaryontische oder eukaryontische Zelle, die genetisch modifiziert ist mit einem erfindungsgemäßen Nucleinsäuremolekül und/oder mit einem erfindungsgemäßen Vektor, sowie Zellen, die von derartigen Wirtszellen abstammen und die die erfindungsgemäße genetische Modifikation enthalten.

25

In einer bevorzugten Ausführungsform betrifft die Erfindung Wirtszellen, insbesondere prokaryontische oder eukaryontische Zellen, die mit einem erfindungsgemäßen Nucleinsäuremolekül oder einem erfindungsgemäßen Vektor transformiert wurden, sowie Wirtszellen, die von derartigen Wirtszellen abstammen und die beschriebenen erfindungsgemäßen Nucleinsäuremoleküle oder Vektoren enthalten.

30

Die Wirtszellen können Bakterien- (z.B. *E. coli*) oder Pilzzellen (z.B. Hefe, insbesondere *S. cerevisiae*, *Agaricus*, insbesondere *Agaricus bisporus*), sowie pflanzliche oder tierische Zellen sein. Der Begriff "transformiert" bedeutet dabei, dass die

erfindungsgemäßen Zellen mit einem erfindungsgemäßen Nucleinsäuremolekül genetisch modifiziert sind insofern, als sie zusätzlich zu ihrem natürlichen Genom mindestens ein erfindungsgemäßes Nucleinsäuremolekül enthalten. Dieses kann in der Zelle frei, gegebenenfalls als selbstreplizierendes Molekül, vorliegen oder es kann stabil

5 in das Genom der Wirtszelle integriert vorliegen.

Vorzugsweise sind die Wirtszellen Mikroorganismen. Darunter werden im Rahmen der vorliegenden Anmeldung alle Bakterien und alle Protisten (z. B. Pilze, insbesondere Hefen und Algen) verstanden, so wie sie z. B. in Schlegel "Allgemeine Mikrobiologie" (Georg Thieme Verlag (1985), 1-2) definiert sind.

10

Besonders bevorzugt sind die erfindungsgemäßen Wirtszellen Pflanzenzellen. Dabei kann es sich prinzipiell um Pflanzenzellen aus jeder beliebigen Pflanzenspezies handeln, d. h. sowohl monokotyle als auch dikotyle Pflanzen. Bevorzugt handelt es sich um Pflanzenzellen aus landwirtschaftlichen Nutzpflanzen, d.h. aus Pflanzen, die vom

15 Menschen kultiviert werden für Zwecke der Ernährung oder für technische, insbesondere industrielle Zwecke. Vorzugsweise betrifft die Erfindung Pflanzenzellen und Pflanzen aus stärkespeichernden Pflanzen (Mais, Reis, Weizen, Roggen, Hafer, Gerste, Maniok, Kartoffel, Sago, Mungbohne, Erbse oder Sorghum), insbesondere besondere bevorzugt sind Pflanzenzellen aus Mais-, Reis-, Weizen- oder

20 Kartoffelpflanzen.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind Proteine mit der enzymatischen Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus

- 25 a) Proteinen, die die unter SEQ ID NO 4 angegebene Aminosäuresequenz umfassen;
- b) Proteinen, die durch die codierende Region der im Plasmid DSM 15926 inserierten DNA codiert werden; oder
- c) Proteinen, die zu der Aminosäuresequenz der unter a) oder b) genannten
- 30 Proteine eine Identität von mindestens 70% aufweisen.

- In einer weiteren Ausführungsform betrifft die vorliegende Erfindung Proteine mit der enzymatischen Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3, wobei das codierte Protein eine Identität von mindestens 70% bevorzugt von mindestens 80%, besonders 5 bevorzugt von mindestens 90% und insbesondere bevorzugt von 95% zu der unter SEQ ID NO 4 angegebenen Aminosäuresequenz oder zu der von der Insertion in Plasmid DSM 15926 codierten Aminosäuresequenz eines Verzweigungsenzym Klasse 3 aufweist.
- 10 Die Erfindung betrifft in einer weiteren Ausführungsform auch Proteine, die durch erfindungsgemäße Nucleinsäuremoleküle codiert werden.
- In einer bevorzugten Ausführungsform betrifft die vorliegende Erfindung ein Protein mit der enzymatischen Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3, wobei das 15 Verzweigungsenzym Klasse 3 aus einer Kartoffelpflanze stammt.
- Es wurde überraschenderweise gefunden, dass Pflanzenzellen und Pflanzen, die eine reduzierte Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 aufweisen, eine Stärke synthetisieren, die modifiziert ist im Vergleich zu Stärke aus Wildtyp-Pflanzenzellen 20 bzw. Wildtyp-Pflanzen.
- Der Begriff „modifizierte Stärke“ bedeutet in Zusammenhang mit der vorliegenden Erfindung, dass die Stärke veränderte physico-chemische Eigenschaften gegenüber nicht modifizierter Stärke, erhältlich aus entsprechenden nicht genetisch modifizierten 25 Wildtyp-Pflanzenzellen oder Wildtyp-Pflanzen aufweist.
- In einer bevorzugten Ausführungsform der vorliegenden Erfindung handelt es sich bei der modifizierten Stärke um native Stärke.
- Der Begriff „native Stärke“ bedeutet im Zusammenhang mit der vorliegenden Erfindung, 30 dass die Stärke nach dem Fachmann bekannten Methoden aus erfindungsgemäßigen

Pflanzen, erfindungsgemäßem erntebaren Pflanzenteilen oder erfindungsgemäßem Vermehrungsmaterial von Pflanzen isoliert wird.

- Stärke ist ein klassischer Zusatzstoff für viele Nahrungsmittel, in denen sie im wesentlichen die Funktion des Bindens von wässrigen Zusatzstoffen übernimmt bzw. eine Erhöhung der Viskosität oder aber eine erhöhte Gelbildung hervorruft. Wichtige Eigenschaftsmerkmale sind das Fließ- und Sorptionsverhalten, die Quell- und Verkleisterungstemperatur, die Viskosität und Dickungsleistung, die Löslichkeit der Stärke, die Transparenz und Kleisterstruktur, die Hitze-, Scher- und Säurestabilität, die Neigung zur Retrogradation, die Fähigkeit zur Filmbildung, die Gefrier/Taustabilität, die Verdaulichkeit sowie die Fähigkeit zur Komplexbildung mit z.B. anorganischen oder organischen Ionen.

- Im Bereich der Nicht-Nahrungsmittelindustrie kann die Stärke z.B. als Hilfsstoff für unterschiedliche Herstellungsprozesse bzw. als Zusatzstoff in technischen Produkten eingesetzt werden. Bei der Verwendung der Stärke als Hilfsstoff ist hier insbesondere die Papier- und Pappeindustrie zu nennen. Die Stärke dient dabei in erster Linie zur Retardation (Zurückhaltung von Feststoffen), der Abbindung von Füllstoff- und Feinstoffteilchen, als Festigungsstoff und zur Entwässerung. Darüber hinaus werden die günstigen Eigenschaften der Stärke in bezug auf die Steifigkeit, die Härte, den Klang, den Griff, den Glanz, die Glätte, die Spaltfestigkeit sowie die Oberflächen ausgenutzt.

- Ein weiterer großer Einsatzbereich der Stärken besteht in der Klebstoffindustrie, wo man die Einsatzmöglichkeiten in vier Teilbereiche gliedert. Die Verwendung als reinem Stärkeleim, die Verwendung bei mit speziellen Chemikalien aufbereiteten Stärkeleimen, die Verwendung von Stärke als Zusatz zu synthetischen Harzen und Polymerdispersionen sowie die Verwendung von Stärken als Streckmittel für synthetische Klebstoffe.

- Weiterhin können die Stärken als Zusatz zu Baustoffen (z.B. Gipskartonplatten, Transportbeton, Putz- und Mineralfasern), zur Herstellung von Mitteln zur Bodenstabilisation, als funktionelles Hilfsmittel in Pflanzenschutz- oder Düngemitteln, als funktionelle Hilfsmittel in der Pharma- (z.B. als Bindemittel, Tablettensprengmittel, in Gleit- und Wundpudern) und Kosmetikindustrie (als Träger von Zusatzstoffen), als

Stärkezusatz zu Kohlen und Briketts, als Flockungsmittel (z.B. bei der Kohleschlammaufbereitung) und als Bindemittel, z.B. in Betonit, verwendet werden.

Erfindungsgemäße Pflanzenzellen und erfindungsgemäße Pflanzen synthetisieren eine
5 modifizierte Stärke im Vergleich zu Stärke von entsprechenden nicht genetisch
modifizierten Wildtyp-Pflanzenzellen bzw. -Pflanzen. Die modifizierte Stärke ist in ihren
physikalisch-chemischen Eigenschaften, z.B. dem Amylopektin/Amylose Verhältnis,
dem Verzweigungsgrad, dem Phosphatgehalt, der durchschnittlichen Kettenlänge, dem
Viskositätsverhalten, der Stärkekorngröße, der Seitenkettenverteilung und/oder der
10 Stärkekornform im Vergleich zu in Wildtyp-Pflanzenzellen bzw. -Pflanzen synthetisierter
Stärke verändert, so dass sie für die Verwendung z.B. in bestimmten
Anwendungsgebieten besser geeignet ist.

Die vorliegende Erfindung betrifft daher auch modifizierte Stärken, erhältlich aus
15 erfindungsgemäßen Pflanzenzellen oder erfindungsgemäßen Pflanzen, aus
erfindungsgemäßem Vermehrungsmaterial oder aus erfindungsgemäßen erntebaren
Pflanzenteilen.

In einer besonders bevorzugten Ausführungsform betrifft die vorliegende Erfindung
20 modifizierte Kartoffelstärken.

- Die vorliegende Erfindung betrifft ferner ein Verfahren zur Herstellung einer modifizierten Stärke, umfassend den Schritt der Extraktion der Stärke aus einer erfindungsgemäßen Pflanzenzelle oder einer erfindungsgemäßen Pflanze, aus erfindungsgemäßem Vermehrungsmaterial einer solchen Pflanze und/oder aus erfindungsgemäßem erntebaren Pflanzenteilen einer solchen Pflanze, vorzugsweise aus erfindungsgemäßem stärkespeichernden Teilen einer Pflanze. Vorzugsweise umfasst ein solches Verfahren auch den Schritt des Erntens der kultivierten Pflanzen bzw. Pflanzenteile und/oder des Vermehrungsmaterials dieser Pflanzen vor der Extraktion der Stärke und besonders bevorzugt ferner den Schritt der Kultivierung erfindungsgemäßer Pflanzen vor dem Ernten.

Verfahren zur Extraktion der Stärke aus Pflanzen oder von stärkespeichernden Teilen von Pflanzen sind dem Fachmann bekannt. Weiterhin sind Verfahren zur Extraktion der Stärke aus verschiedenen stärkespeichernden Pflanzen beschrieben, z. B. in Starch: Chemistry and Technology (Hrsg.: Whistler, BeMiller und Paschall (1994), 2. Ausgabe, Academic Press Inc. London Ltd; ISBN 0-12-746270-8; siehe z. B. Kapitel XII, Seite 412-468: Mais und Sorghum-Stärken: Herstellung; von Watson; Kapitel XIII, Seite 469-479: Tapioca-, Arrowroot- und Sagostärken: Herstellung; von Corbishley und Miller; Kapitel XIV, Seite 479-490: Kartoffelstärke: Herstellung und Verwendungen; von Mitch; Kapitel XV, Seite 491 bis 506: Weizenstärke: Herstellung, Modifizierung und Verwendungen; von Knight und Oson; und Kapitel XVI, Seite 507 bis 528: Reisstärke: Herstellung und Verwendungen; von Rohmer und Klem; Maisstärke: Eckhoff et al., Cereal Chem. 73 (1996), 54-57, die Extraktion von Maisstärke im industriellen Maßstab wird in der Regel durch das sogenannte "wet milling" erreicht.). Vorrichtungen, die für gewöhnlich bei Verfahren zur Extraktion von Stärke von Pflanzenmaterial verwendet werden, sind Separatoren, Dekanter, Hydrocyclone, Sprühtrockner und Wirbelschichttrockner.

Unter dem Begriff „stärkespeichernde Teile“ sollen im Zusammenhang mit der vorliegenden Erfindung solche Teile eine Pflanze verstanden werden, in welchen Stärke, im Gegensatz zu transitorischer Blattstärke, zur Überdauerung von längeren

Zeiträumen als Depot gespeichert wird. Bevorzugte stärkespeichernde Teile sind Knollen, Speicherwurzeln, Samen oder Endosperm, besonders bevorzugt sind Kartoffelknollen oder das Endosperm von Mais-, Weizen- oder Reispflanzen.

- 5 Modifizierte Stärke, erhältlich durch das erfindungsgemäße Verfahren, ist ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Weiterhin ist die Verwendung erfindungsgemäßer Pflanzenzellen oder erfindungsgemäßer Pflanzen zur Herstellung einer modifizierten Stärke Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Dem Fachmann ist bekannt, dass die Eigenschaften von Stärke durch z.B. thermische chemische, enzymatische oder mechanische Derivatisierung verändert werden können. Derivatisierte Stärken sind für verschiedene Anwendungen im Nahrungsmittel- und/oder

- 15 Nicht-Nahrungsmittelbereich besonders geeignet. Die erfindungsgemäßen Stärken sind als Ausgangssubstanz besser geeignet zur Herstellung von derivatisierten Stärken als herkömmliche Stärken. Sie zeichnen sich bei Herstellung von derivatisierter Stärke durch eine bessere Verarbeitbarkeit aus und führen zu neuen Produkten, da zur Derivatisierung eine modifizierte Stärke als neuer Ausgangsstoff eingesetzt wird.

- 20 Die vorliegende Erfindung betrifft daher auch Verfahren zur Herstellung einer derivatisierten Stärke, worin erfindungsgemäße modifizierte Stärke, nachträglich derivatisiert wird.

- 25 Unter dem Begriff „derivatisierte Stärke“ soll im Zusammenhang mit der vorliegender Erfindung eine erfindungsgemäße modifizierte Stärke verstanden werden, deren Eigenschaften nach der Isolierung aus pflanzlichen Zellen mit Hilfe von chemischen enzymatischen, thermischen oder mechanischen Verfahren nachträglich verändert wurde.

In einer bevorzugten Ausführungsform der vorliegenden Erfindung handelt es sich bei der erfindungsgemäßen derivatisierten Stärke um Hitze und/oder Säurebehandelte Stärke.

In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform handelt es sich bei den derivatisierten

- 5 Stärken um Stärkeether, insbesondere um Stärke-Alkylether, O-Allylether, Hydroxylalkylether, O-Carboxylmethylether, stickstoffhaltige Stärkeether, phosphathaltige Stärkeether oder schwefelhaltige Stärkeether.

In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform handelt es sich bei den derivatisierten Stärken um vernetzte Stärken.

- 10 In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform handelt es sich bei den derivatisierten Stärken um Stärke-Pfropf-Polymerisate.

In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform handelt es sich bei den derivatisierten Stärken um oxidierte Stärken.

- 15 In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform handelt es sich bei den derivatisierten Stärken um Stärkeester, insbesondere um Stärkeester, die unter Verwendung von organischen Säuren in die Stärke eingeführt wurden. Besonders bevorzugt handelt es sich um Phosphat-, Nitrat-, Sulfat-, Xanthat-, Acetat- oder Citratstärken.

Die erfindungsgemäßen derivatisierten Stärken eignen sich für verschiedene

- 20 Verwendungen im Nahrungsmittel- und/oder Nicht-Nahrungsmittelbereich. Methoden zur Herstellung von erfindungsgemäßen derivatisierten Stärken sind dem Fachmann bekannt und in der allgemeinen Literatur ausreichend beschrieben. Eine Übersicht zur Herstellung von derivatisierten Stärken findet sich z.B. bei Orthoefer (in Corn, Chemistry and Technology, 1987, eds. Watson und Ramstad, Chapter 16, 479-499).

25

Derivatierte Stärke, erhältlich nach dem erfindungsgemäßen Verfahren zur Herstellung einer derivatisierten Stärke ist ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Ferner ist die Verwendung erfindungsgemäßer modifizierter Stärken zur Herstellung von derivatisierter Stärke Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Beschreibung der Sequenzen

SEQ ID NO 1: Nucleinsäuresequenz enthaltend die codierende Region des 3'-Bereichs eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 aus *Solanum tuberosum* (cv Désirée).

- 5 Diese Sequenz ist in Plasmid AN 46-196 inseriert.

SEQ ID NO 2: Nucleinsäuresequenz enthaltend die codierende Region des 5'-Bereichs eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 aus *Solanum tuberosum* (cv Désirée). Diese Sequenz ist in Plasmid AN 47-196 inseriert.

10

SEQ ID NO 3: Nucleinsäuresequenz enthaltend die vollständige codierende Region eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 aus *Solanum tuberosum* (cv Désirée). Diese Sequenz ist in Plasmid AN 49 inseriert und wurde nach dem Budapester Vertrag hinterlegt am 15. September 2003 unter der Nummer DSM 15926 bei der Deutschen

- 15 Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH, Mascheroder Weg 1b, 38124 Braunschweig, Deutschland.

SEQ ID NO 4: Aminosäuresequenz codierend eine Verzweigungsenzyms Klasse 3 aus *Solanum tuberosum* (cv Désirée). Diese Sequenz ist von der in Plasmid AN 49 inserierten Nucleinsäuresequenz bzw. von der unter SEQ ID NO 3 beschriebenen Nucleinsäuresequenz ableitbar.

SEQ ID NO 5: Nucleinsäuresequenz enthaltend die vollständige codierende Region eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 aus *Solanum tuberosum* (cv Désirée).

- 25 Diese Sequenz wurde erhalten durch Zusammenfügen der unter SEQ ID NO 1 und SEQ ID NO 2 beschriebenen Nucleinsäuresequenzen. Diese Nucleinsäuresequenz stellt eine allelische Variante der unter SEQ ID NO 3 beschriebenen Nucleinsäuresequenz, codierend ein Verzweigungsenzym Klasse 3, dar.

30 SEQ ID NO 6: Aminosäuresequenz codierend eine Verzweigungsenzyms Klasse 3 aus *Solanum tuberosum* (cv Désirée). Diese Sequenz ist von der unter SEQ ID NO 5

beschriebenen Nucleinsäuresequenz ableitbar und stellt die Aminosäuresequenz einer allelischen Variante zu der unter SEQ ID NO 4 beschriebenen Aminosäuresequenz, codierend ein Verzweigungsenzym Klasse 3 dar.

Allgemeine Methoden

In den Beispielen wurden die folgenden Methoden verwendet:

Nachweis der Aktivität eines Verzweigunsenzyms Klasse 3

- 5 Der Nachweis der Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 mit Hilfe der nicht denaturierenden Gelelektrophorese wurde wie folgt durchgeführt :
Zur Isolierung von Proteinen aus Pflanzen wurde das Probenmaterial in flüssigem Stickstoff gemörser, in Extraktionspuffer (50 mM Na-Citrat, pH 6.5; 1 mM EDTA, 4 mM DTT) aufgenommen und nach Zentrifugation (10 min, 14.000 g, 4 °C) direkt zur
- 10 Messung der Proteinkonzentration nach Bradford eingesetzt. Anschließend wurde je nach Bedarf 5µg bis 20 µg Gesamt-Proteinextrakt mit 4-fach Loading-Buffer (20% Glycerin, 125 mM Tris HCl, pH 6,8) versetzt und auf ein BE-Aktivitätsgel geladen. Das BE-Aktivitätsgel setzt sich wie folgt zusammen: 2,5 ml 30% Acrylamid:0,8% Bisacrylamid, 0,1 ml Laufpuffer, 7,4 ml H₂O, 10% Ammoniumpersulfat-Lösung und 5 µ
- 15 N,N,N',N'-Tetramethylethylendiamin (TEMED). Der Laufpuffer (RB) setzte sich wie folgt zusammen: RB = 30,2 g Tris-Base, pH 8,0, 144 g Glycine auf 1 L H₂O. Nach Beendigung des Gellaufes wurden die Gele in je 25 ml „Phosphorylase – Puffer“ (25 mM Na-Citrat pH 7,0, 0,47 g Glucose-1-Phosphat, 12,5 mg AMP, 2,5 mg Phosphorylase a/b aus „rabbit“) über Nacht bei 37 °C inkubiert. Die Färbung der Gele wurde mi
- 20 Lugol'sche Lösung durchgeführt.

Beispiele

Beispiel 1

- 25 **Klonierung einer Vollängensequenz codierend ein
Verzweigungsenzym Klasse 3 aus Solanum tuberosum**

Die Gensequenz codierend für dieses Verzweigungsenzym Klasse 3 ist in *Solanum tuberosum* bisher noch nicht beschrieben worden.

Über Sequenzvergleiche mit verschiedenen Verzweigungsenzymen konnte eine Domäne identifiziert werden, mit deren Hilfe EST-Datenbanken durchmustert wurden. Hierbei konnte der EST TC73137 (TIGR Datenbank; http://www.tigr.org/tigr-scripts/tgi/tc_report.pl?tc=TC73137&species=potato) aus Kartoffel identifiziert werden.

- 5 Mit Hilfe der Primer B1_Asp (GAT GGG TAC CAG CAC TTC TAC TTG GCA GAG G) und B2_Sal (TCA AGT CGA CCA CAA CCA GTC CAT TTC TGG) konnte eine zu dieser EST-Sequenz korrespondierende Sequenz aus einer knollespezifischen cDNA-Bank von *Solanum tuberosum* (cv. Désirée) amplifiziert werden. Versuche, blattspezifische, „sink“- oder „source“-Gewebe spezifische cDNA-Banken als Template
10 für die PCR Reaktion zu verwenden, führten zu keinem Amplifikat.

Um die gesamte codierende Sequenz des betreffenden Verzweigungsenzyms, die auch bisher unbekannte Sequenzen umfasst, zu amplifizieren, wurden Primer hergestellt, die zu den Enden der bisher bekannten Sequenz und Vektorsequenzen der betreffenden cDNA Banken komplementär sind. Bei allen mittels dieses Ansatzes verwendeten
15 Primerkombinationen zur Amplifikation einer vollänge Sequenz eines Verzweigungsenzyms Klasse 3, konnte kein weiterer Bereich amplifiziert werden. Daraufhin wurden EST-Datenbanken von Tomate erneut durchmustert.

- Hierbei konnten zwei ESTs aus Tomate identifiziert werden (TIGR Datenbank; BG127920 und TC130382), die entweder eine hohe Homologie zu dem oben
20 beschriebenen Amplifikat des Verzweigungsenzyms Klasse 3 aus Kartoffel (TC130382) bzw. (BG127920). oder zu dem putativen Verzweigungsenzym Gen aus *Arabidopsis* (Genbank: GP|9294564|dbj|BAB02827.1) aufweisen.

Es wurden nun erneut Primer hergestellt, um auch bisher unbekannte Sequenzen des
25 Verzweigungsenzyms Klasse 3 zu amplifizieren. Mittels PCR wurde aus einer cDNA Bank, hergestellt aus Knollen von *Solanum tuberosum* (cv. Désirée), mit den Primern KM2_Spe (5'-TCAAACCTAGTCACAACCAGTCCATTCTGG-3') und So_putE (5'-CACTTAGAAGGTATCAGAGC-3') der 3'-Bereich des Verzweigungsenzyms Klasse 3 amplifiziert. Das erhaltende ca. 1 kb große Fragment wurde ungerichtet in den pCR4-
30 TOPO Vektor von Invitrogen (Produktnummer: 45-0030) kloniert. Das entstandene

Plasmid wurde als AN 46-196 bezeichnet. Die Sequenz des inserierten Fragments im Plasmid AN 46-196 ist unter SEQ ID NO 1 dargestellt.

Der 5'-Bereich wurde ebenfalls mittels PCR-Technik und unter Verwendung der Primer
5 So_put5' (5'-GTATTTCTGCGAAGGAACGACC-3') und So_putA (5'-
AACAAATGCTCTCTGTCGG-3') aus der selben cDNA-Bank amplifiziert. Das
erhaltende ca. 2 kb große Fragment wurde ungerichtet in den pCR4-TOPO Vektor von
Invitrogen (Produktnummer: 45-0030) kloniert. Das entstandene Plasmid wurde als AN
47-196 bezeichnet. Die Sequenz des inserierten Fragments im Plasmid AN 47-196 ist
10 unter SEQ ID NO 2 dargestellt.

Es wurden nun erneut Primer hergestellt, um eine Vollängensequenz zu amplifizieren.
Folgende Primer wurden verwendet: SO_putA (AACAAATGCTCTCTGTCGG) und
SO_putE (CACTTTAGAAGGTATCAGAGC). Ein ungefähr 3,2 kb großes PCR-Produkt
15 wurde erhalten und in den pCR2.1-Vektor der Firma Invitrogen (Produktnummer: 45-
0030) kloniert. Das erhaltene Plasmid (hinterlegt unter DSM 15926) wurde mit AN 49
bezeichnet. Die Sequenz des inserierten Fragments im Plasmid AN 49 ist unter SEQ ID
NO 3 dargestellt.

20 *Beispiel 2*

Angaben zu Vektoren und Plasmiden

Angaben zum Vektor AN 54-196

AN 54-196 ist ein Derivat des Plasmides pBinB33-Hyg, welchem eine Teilsequenz des
Verzweigungsenzym Klasse 3 Gens als „inverted repeat“ ,(RNAi Technologie) unter der
25 Kontrolle des Promotors des Patatin Gens B33 aus *Solanum tuberosum* (Rocha-Sosa
et al., 1989) eingefügt wurde. Hierzu wurde zuerst ein PCR-Produkt mit den Primern
B1_Asp (GAT GGG TAC CAG CAC TTC TAC TTG GCA GAG G) und B2_Sal (TCA
AGT CGA CCA CAA CCA GTC CAT TTC TGG) aus einer knollenspezifischen cDNA

Bank von *Solanum tuberosum* (cv. Désirée) amplifiziert, wodurch die Schnittstellen Asp718 und Sall zugefügt wurden. Das erhaltene PCR-Produkt (625 bp) wurde über diese beiden Schnittstellen in „antisense“ Orientierung zum B33-Promotor kloniert. Ein zweites PCR-Fragment, welches mit den Primern B3_Sal (GCT TGT CGA CGG GAG 5 AAT TTT GTC CAG AGG) und B4_Sal (GAT CGT CGA CAG CAC TTC TAC TTG GCA GAG G) aus einer knollenspezifischen cDNA Bank von *Solanum tuberosum* (cv. Désirée) amplifiziert wurde und mit dem 301 bp des ersten Fragments identisch ist, wurde über die Sall-Schnittstelle hinter das erste Fragment kloniert, jedoch in „sense“-Orientierung zum B33-Promotor. Diese Anordnung wird als „inverted repeat“ (RNAi 10 Technologie) bezeichnet.

Angaben zum Vektor pBinB33-Hyg

Ausgehend vom Plasmid pBinB33 wurde das *EcoRI-HindIII*-Fragment umfassend den B33-Promotor, einen Teil des Polylinkers sowie den ocs-Terminator herausgeschnitten 15 und in den entsprechend geschnittenen Vektor pBIB-Hyg ligiert (Becker, 1990).

Das Plasmid pBinB33 wurde erhalten, indem der Promotor des Patatin Gens B33 aus *Solanum tuberosum* (Rocha-Sosa et al., 1989) als *DraI*-Fragment (Nukleotide –1512 - +14) in den mit *SstI* geschnittenen Vektor pUC19, dessen Enden mit Hilfe der T4 DNA-Polymerase geglättet worden waren, ligiert wurde. Daraus entstand das Plasmid 20 pUC19-B33. Aus diesem Plasmid wurde der B33-Promotor mit *EcoRI* und *Smal* herausgeschnitten und in den entsprechend geschnittenen Vektor pBinAR ligiert. Hieraus entstand der pflanzliche Expressionsvektor pBinB33.

Das Plasmid pBinAR ist ein Derivat des Vektorplasmids pBin19 (Bevan, 1984) und wurde folgendermaßen konstruiert:
25 Ein 529 Bp langes Fragment, das die Nukleotide 6909-7437 des 35S RNA-Promotors des Blumenkohl-Mosaik-Virus (Pietrzak et al., 1986, Nucleic Acids Research 14, 5857-5868) umfasst, wurde als *EcoRI-KpnI*-Fragment aus dem Plasmid pDH51 (Pietrzak et al., 1986) isoliert und zwischen die *EcoRI*- und *KpnI*-Schnittstellen des Polylinkers von pUC18 ligiert. Dabei entstand das Plasmid pUC18-35S.

- Aus dem Plasmid pAGV40 (Herrera-Estrella et al., 1983) wurde mit Hilfe der Restriktionsendonukleasen *Hind*III und *Pvu*II ein 192 Bp langes Fragment isoliert, welches das Polyadenylierungssignal (3'-Ende) des *Octopin Synthase*-Gens (Gen 3) der T-DNA des Ti-Plasmids pTiACH5 (Gielen et al., 1984) umfasst (Nukleotide 11749-11939). Nach Addition von *Ssp*I-Linkern an die *Pvu*II-Schnittstelle wurde das Fragment zwischen die *Sph*I- und *Hind*III-Schnittstelle von pUC18-35S ligiert. Daraus resultierte das Plasmid pA7.
- Aus pA7 wurde der gesamte Polylinker enthaltend den 35S-Promotor und den ocs-Terminator mit EcoRI und *Hind*III herausgeschnitten und in den entsprechend geschnittenen pBin19 ligiert. Dabei entstand der pflanzliche Expressionsvektor pBinAR (Höfgen and Willmitzer, 1990).

Beispiel 3

- 15 **Genetisch modifizierte Pflanzen mit verringelter Verzweigungsenzym Klasse 3 Aktivität**
- Zur Erzeugung transgener Kartoffelpflanzen, die eine verringerte Expression eines Verzweigungsenzym Klasse 3 Gens aufweisen, wurde die T-DNA des Plasmids AN 54-196 mit Hilfe von Agrobakterien, wie bei Rocha-Sosa et al. (EMBO J. 8, (1989), 23-29) beschrieben, in Kartoffelpflanzen der Varietät Désirée transferiert. Die durch Transformation mit dem Plasmid AN 53-196 erhaltenen Pflanzen der Varietät Désirée wurden mit 369SO bezeichnet.
- Die Analyse mit Hilfe der nicht denaturierenden Gelelektrophorese von Protein-Extrakten aus Knollen von Wildtyp-Pflanzenzellen und/oder Protein-Extrakten von 25 genetisch modifizierten Pflanzen (396-SO), zeigte dass die genetisch modifizierten Pflanzenzellen eine verringerte Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 aufweisen, im Vergleich zu Protein-Extrakten aus Knollen von Wildtyp-Pflanzenzellen.

Patentansprüche

1. Genetisch modifizierte Pflanzenzelle, dadurch gekennzeichnet, dass sie eine verringerte Aktivität mindestens eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 im Vergleich zu entsprechenden nicht genetisch modifizierten Wildtyp-Pflanzenzellen aufweist.
- 5 2. Genetisch modifizierte Pflanzenzelle nach Anspruch 1, wobei die genetische Modifikation in der Einführung mindestens eines fremden Nucleinsäuremoleküls in das Genom der Pflanzenzelle besteht.
- 10 3. Genetisch modifizierte Pflanzenzelle nach Anspruch 2, wobei das fremde Nucleinsäuremolekül ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codiert.
4. Genetisch modifizierte Pflanzenzelle nach Anspruch 3, wobei besagtes fremdes Nucleinsäuremolekül ausgewählt ist, aus der Gruppe bestehend aus
 - a) Nucleinsäuremolekülen, die ein Protein mit der unter Seq ID No. 4 angegebenen Aminosäuresequenz codieren;
 - 15 b) Nucleinsäuremolekülen, die ein Protein codieren, dessen Aminosäuresequenz eine Identität von mindestens 50% zu der unter SEQ ID NO: 4 angegebenen Aminosäuresequenz aufweist;
 - c) Nucleinsäuremolekülen, die die unter Seq ID No. 3 dargestellte Nucleotidsequenz oder eine komplementäre Sequenz umfassen;
 - 20 d) Nucleinsäuremolekülen, deren Nucleinsäuresequenz zu den unter a) oder c) beschriebenen Nucleinsäuresequenzen eine Identität von mindestens 50% aufweist;
 - e) Nucleinsäuremolekülen, welche mit mindestens einem Strang der unter a) oder c) beschriebenen Nucleinsäuremoleküle unter stringenten Bedingungen hybridisieren;
 - 25 f) Nucleinsäuremolekülen, deren Nucleotidsequenz aufgrund der Degeneration des genetischen Codes von der Sequenz der unter a). b), c), d), e) oder f) genannten Nucleinsäuremoleküle abweicht; und
 - g) Nucleinsäuremolekülen, die Fragmente, allelische Varianten und/oder Derivate der unter a), b), c), d), e) oder f) genannten Nucleinsäuremolekülen darstellen.
- 30

5. Genetisch modifizierte Pflanzenzelle nach einem der Ansprüche 2, 3 oder 4, wobei besagtes fremdes Nucleinsäuremolekül ausgewählt ist, aus der Gruppe bestehend aus
- a) DNA-Molekülen, die mindestens eine antisense-RNA codieren, welche eine Verringerung der Expression von mindestens einem endogenen Gen bewirkt, das ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codiert;
 - b) DNA-Molekülen, die über einen Cosuppressionseffekt zu Verringerung der Expression von mindestens einem endogenen Gen führen, das ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codiert;
 - c) DNA-Molekülen, die mindestens ein Ribozym codieren, das spezifisch Transkripte von mindestens einem endogenen Gen spaltet, das ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codiert,
 - d) DNA-Molekülen, die simultan mindestens eine antisense-RNA und mindestens eine sense-RNA codieren, wobei besagte antisense-RNA und besagte sense-RNA ein doppelsträngiges RNA-Molekül ausbilden, das eine Verringerung der Expression von mindestens einem endogenen Gen bewirkt, das ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codiert (RNAi Technologie);
 - e) Mittels in vivo-Mutagenese eingeführte Nucleinsäuremoleküle, die zu einer Mutation oder einer Insertion einer heterologen Sequenz in mindestens einem endogenen Verzweigungsenzym Klasse 3 codierenden Gen führen, wobei die Mutation oder Insertion eine Verringerung der Expression eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 codierenden Gens bewirkt, oder die Synthese von inaktiven Verzweigungsenzym Klasse 3 zur Folge hat;
 - f) Nucleinsäuremolekülen, die einen Antikörper codieren, wobei der Antikörper durch die Bindung an ein Verzweigungsenzym Klasse 3 eine Verringerung der Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 zur Folge hat,
 - g) DNA Molekülen, die Transposons enthalten, wobei die Integration dieser Transposons zu einer Mutation oder einer Insertion in mindestens einem endogenen Verzweigungsenzym Klasse 3 codierenden Gen führt, welches eine Verringerung der Expression von mindestens einem ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codierenden Gens bewirkt, oder die Synthese von inaktiven Verzweigungsenzymen Klasse 3 zur Folge hat; und/oder

- 5 h) T-DNA Molekülen, die durch Insertion in mindestens einem endogenen Verzweigungsenzym Klasse 3 codierenden Gen eine Verringerung der Expression von mindestens einem Verzweigungsenzym Klasse 3 codierenden Gen bewirken, oder die Synthese von inaktivem Verzweigungsenzym Klasse 3 zur Folge haben.
6. Pflanzenzelle nach einem der Ansprüche 1 bis 5, die im Vergleich zu entsprechenden nicht genetisch modifizierten Wildtyp-Pflanzenzellen eine modifizierte Stärke synthetisiert.
7. Pflanze enthaltend Pflanzenzellen nach einem der Ansprüche 1 bis 6.
- 10 8. Pflanze nach Anspruch 7, die eine stärkespeichernde Pflanze ist.
9. Pflanze nach Anspruch 8, die eine Mais, Reis, Weizen, Roggen, Hafer, Gerste, Maniok, Kartoffel, Sago, Mungbohne, Erbse oder Sorghum Pflanze ist.
10. Pflanze nach Anspruch 8, die eine Kartoffelpflanze ist.
11. Vermehrungsmaterial von Pflanzen nach einem der Ansprüche 7 bis 10, enthaltend Pflanzenzellen nach einem der Ansprüche 1 bis 6.
- 15 12. Erntbare Pflanzenteile von Pflanzen nach einem der Ansprüche 7 bis 10, enthaltend Pflanzenzellen nach einem der Ansprüche 1 bis 6.
13. Verfahren zur Herstellung einer genetisch modifizierten Pflanze nach einem der Ansprüche 7 bis 10, worin
- 20 a) eine Pflanzenzelle genetisch modifiziert wird, wobei die genetische Modifikation zur Verringerung der Aktivität eines Verzweigungsenzymes Klasse 3 im Vergleich zu entsprechenden nicht genetisch modifizierten Wildtyp-Pflanzenzellen führt;
- b) aus Pflanzenzellen von Schritt a) eine Pflanze regeneriert wird; und
- 25 c) gegebenenfalls weitere Pflanzen mit Hilfe der Pflanzen nach Schritt b) erzeugt werden.
14. Verfahren nach Anspruch 13, wobei die genetische Modifikation in der Einführung mindestens eines fremden Nucleinsäuremoleküls in das Genom der Pflanze besteht.

15. Verfahren nach Anspruch 14, worin besagtes fremdes Nukleinsäuremolekül ausgewählt ist, aus der Gruppe bestehend aus

- a) Nucleinsäuremolekülen, die ein Protein mit der unter Seq ID No. 4 angegebenen Aminosäuresequenz codieren;
- 5 b) Nucleinsäuremolekülen, die ein Protein codieren, dessen Aminosäuresequenz eine Identität von mindestens 50% zu der unter SEQ ID NO: 4 angegebenen Aminosäuresequenz aufweist;
- c) Nucleinsäuremolekülen, die die unter Seq ID No. 3 dargestellte Nucleotidsequenz oder eine komplementäre Sequenz umfassen;
- 10 d) Nucleinsäuremolekülen, deren Nucleinsäuresequenz zu den unter a) oder c) beschriebenen Nucleinsäuresequenzen eine Identität von mindestens 50% aufweist;
- e) Nucleinsäuremolekülen, welche mit mindestens einem Strang der unter a) oder c) beschriebenen Nucleinsäuremoleküle unter stringenten Bedingungen hybridisieren;
- 15 f) Nucleinsäuremolekülen, deren Nucleotidsequenz aufgrund der Degeneration des genetischen Codes von der Sequenz der unter a), b), c), d), e) oder f) genannten Nucleinsäuremoleküle abweicht; und
- g) Nucleinsäuremolekülen, die Fragmente, allelische Varianten und/oder Derivate der unter a), b), c), d), e) oder f) genannten Nucleinsäuremolekülen darstellen.

20 16. Verfahren nach Anspruch 14, worin besagtes fremde Nukleinsäuremolekül ausgewählt ist, aus der Gruppe bestehend aus

- a) DNA-Molekülen, die mindestens eine antisense-RNA codieren, welche eine Verringerung der Expression von mindestens einem endogenen Gen bewirkt, das ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codiert;
- 25 b) DNA-Molekülen, die über einen Cosuppressionseffekt zu Verringerung der Expression von mindestens einem endogenen Gen führen, das ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codiert;

- c) DNA-Molekülen, die mindestens ein Ribozym codieren, das spezifisch Transkripte von mindestens einem endogenen Gen spaltet, das ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codiert,
- 5 d) DNA-Molekülen, die simultan mindestens eine antisense-RNA und mindestens eine sense-RNA codieren, wobei besagte antisense-RNA und besagte sense-RNA ein doppelsträngiges RNA-Molekül ausbilden, das eine Verringerung der Expression von mindestens einem endogenen Gen bewirkt das ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codiert (RNAi Technologie);
- 10 e) Mittels in vivo-Mutagenese eingeführte Nucleinsäuremoleküle, die zu einer Mutation oder einer Insertion einer heterologen Sequenz in mindestens einem endogenen Verzweigungsenzym Klasse 3 codierenden Gen führen, wobei die Mutation oder Insertion eine Verringerung der Expression eines Verzweigungsenzyms Klasse 3 codierenden Gens bewirkt, oder die Synthese von inaktiven Verzweigungsenzym Klasse 3 zur Folge hat;
- 15 f) Nucleinsäuremolekülen, die einen Antikörper codieren, wobei der Antikörper durch die Bindung an ein Verzweigungsenzym Klasse 3 eine Verringerung der Aktivität eines Verzweigungsenzys Klasse 3 zur Folge hat,
- g) DNA Molekülen, die Transposons enthalten, wobei die Integration dieser Transposons zu einer Mutation oder einer Insertion in mindestens einem endogenen Verzweigungsenzym Klasse 3 codierenden Gen führt, welches eine Verringerung der Expression von mindestens einem ein Verzweigungsenzym Klasse 3 codierenden Gens bewirkt, oder die Synthese von inaktiven Verzweigungsenzymen Klasse 3 zur Folge hat; und/oder
- 20 h) T-DNA Molekülen, die durch Insertion in mindestens einem endogenen Verzweigungsenzym Klasse 3 codierenden Gen eine Verringerung der Expression von mindestens einem Verzweigungsenzym Klasse 3 codierenden Gen bewirken, oder die Synthese von inaktivem Verzweigungsenzym Klasse 3 zur Folge haben.
- 25 17. Verfahren nach einem der Ansprüche 13 bis 17, wobei die genetisch modifizierte Pflanze im Vergleich zu entsprechenden nicht genetisch modifizierten Wildtyp-Pflanzen eine modifizierte Stärke synthetisiert.

18. Nucleinsäuremolekül codierend für ein Protein mit der enzymatischen Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus

- a) Nucleinsäuremolekülen, die ein Protein mit der unter Seq ID No. 4 angegebenen Aminosäuresequenz codieren;
- 5 b) Nucleinsäuremolekülen, die ein Protein codieren, dessen Aminosäuresequenz eine Identität von mindestens 70% zu der unter SEQ ID NO: 4 angegebenen Aminosäuresequenz aufweist;
- c) Nucleinsäuremolekülen, die die unter Seq ID No. 3 dargestellte Nucleotidsequenz oder eine komplementäre Sequenz umfassen;
- 10 d) Nucleinsäuremolekülen, welche zu den unter a) oder c) beschriebenen Nucleinsäuresequenzen eine Identität von mindestens 70% aufweisen;
- e) Nucleinsäuremolekülen, welche mit mindestens einem Strang der unter a), oder c) beschriebenen Nucleinsäuremolekülen unter stringenten Bedingungen hybridisieren;
- 15 f) Nucleinsäuremolekülen, deren Nucleotidsequenz aufgrund der Degeneration des genetischen Codes von der Sequenz der unter a) oder c) genannten Nucleinsäuremoleküle abweicht; und
- g) Nucleinsäuremolekülen, die Fragmente, allelische Varianten und/oder Derivate der unter a), b), c), d), e) oder f) genannten Nucleinsäuremolekülen darstellen.

20 19. Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 18, dadurch gekennzeichnet, dass es ein Verzweigungsenzym Klasse 3 aus Kartoffel codiert.

20. Vektor enthaltend ein Nucleinsäuremolekül nach einem der Ansprüche 18 oder 19.

21. Vektor nach Anspruch 20, wobei das Nucleinsäuremolekül mit regulatorischen Sequenzen verknüpft ist, die die Transkription in prokaryontischen oder eukaryontischen Zellen gewährleisten.

22. Vektor enthaltend ein fremdes Nucleinsäuremolekül, definiert wie in Anspruch 5 unter a), b), c) oder d).

23. Wirtszelle, die genetisch modifiziert ist mit einem Nucleinsäuremolekül nach einem der Ansprüche 18 oder 19 oder mit einem Vektor nach einem der Ansprüche 20, 21 oder 22.
24. Protein mit der enzymatischen Aktivität eines Verzweigungsenzyms Klasse 3, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus
 - a) Proteinen, die die unter SEQ ID No. 4 angegebene Aminosäuresequenz umfassen, oder
 - b) Proteinen, die zu der Aminosäuresequenz der unter a) genannten Proteine eine Identität von mindestens 70% aufweisen.
- 10 25. Protein nach Anspruch 24, wobei das Verzweigungsenzym Klasse 3 aus einer Kartoffelpflanze stammt.
26. Modifizierte Stärke erhältlich aus einer genetisch modifizierten Pflanze nach einem der Ansprüche 7 bis 10, aus Vermehrungsmaterial nach Anspruch 11, oder aus erntebaren Pflanzenteilen nach Anspruch 12.
- 15 27. Verfahren zur Herstellung einer modifizierten Stärke umfassend den Schritt der Extraktion der Stärke aus einer Pflanzenzelle nach einem der Ansprüche 1 bis 6.
28. Verfahren zur Herstellung einer modifizierten Stärke umfassend den Schritt der Extraktion der Stärke aus einer Pflanze nach einem der Ansprüche 7 bis 10, und/oder aus stärkespeichernden Teilen einer solchen Pflanze.
- 20 29. Verfahren zur Herstellung einer modifizierten Stärke umfassend den Schritt der Extraktion der Stärke aus erntebaren Pflanzenteilen nach Anspruch 12.
30. Verfahren zur Herstellung einer derivatisierten Stärke, worin modifizierte Stärke nach Anspruch 26 oder erhältlich durch ein Verfahren nach einem der Ansprüche 27, 28 oder 29 derivatisiert wird.
- 25 31. Verwendung von genetisch modifizierten Pflanzen nach einem der Ansprüche 7 bis 10 zur Herstellung einer modifizierten Stärke.
32. Modifizierte Stärke erhältlich nach einem Verfahren nach einem der Ansprüche 27, 28 oder 29.
33. Derivatierte Stärke erhältlich nach einem Verfahren nach Anspruch 30.

34. Verwendung von modifizierter Stärke nach einem der Ansprüche 26 oder 32 zur Herstellung von derivatisierter Stärke.

Zusammnefassung

Die vorliegende Erfindung betrifft Pflanzenzellen und Pflanzen, die genetisch modifiziert sind, wobei die genetische Modifikation zur Verringerung der Aktivität eines pflanzlichen Verzweigungsenzyms Klasse 3 im Vergleich zu entsprechenden nicht genetisch modifizierten Wildtyp-Pflanzenzellen bzw. Wildtyp-Pflanzen führt. Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Mittel und Verfahren zur Herstellung solcher Pflanzenzellen und Pflanzen. Derartige Pflanzenzellen und Pflanzen synthetisieren eine modifizierte Stärke. Die vorliegende Erfindung betrifft daher auch die von den erfindungsgemäßen Pflanzenzellen und Pflanzen synthetisierte Stärke sowie Verfahren zur Herstellung dieser Stärke, als auch die Herstellung von Stärkederivaten dieser Stärke. Weiterhin betrifft die vorliegende Erfindung Nucleinsäuren, codierend ein Verzweigungsenzym Klasse 3, Vektoren, Wirtszellen, Pflanzenzellen und Pflanzen enthaltend solche Nucleinsäuremoleküle.

SwissProt Acc No. oder Entry Name	Aminosäure Nr.	SwissProt Acc No. oder Entry Name	Aminosäure Nr.
APU_THETU	1251-1331	Q9XED2	101-191
GLGB_SYNY3	22-110	Q08131	137-227
P71095	39-130	GLGB_HUMAN	73-168
Q9RXB0	181-274	Q9V6K7	52-144
PULA_KLEPN	301-395	Q22137	53-147
P70983	1143-1238	Q9RM63	25-149
Q41386	205-298	ISOA_FLASP	36-163
O64454	202-295	ISOA_PSEAY	30-155
O69008	105-191	P73608	22-122
O34587	104-189	O04196	74-177
Q9XDB5	231-319	Q9SPT7	8-110
PULA_THEMEA	223-311	Q41742	114-218
Q59319	206-300	GLGX_HAEIN	10-101
YIEL_ECOLI	41-123	Q9RNH5	20-117
Q9RX51	22-100	GLGX_ECOLI	9-104
O66936	24-116	Q9RXP5	13-108
Q59832	141-233	GLGX_MYCTU	24-119
GLGB_STRAU	160-252	Q9X947	18-113
GLGB_BUTFI	24-116	P72691	19-120
GLGB_AGRTU	130-223	P95868	17-117
Q9RQI5	134-226	O84046	11-108
GLGB_ECOLI	122-214	Q9Z8F5	11-108
GLGB_HAEIN	122-214	Q9ZVT2	232-335
GLGB_SYNY3	126-217	Q44528	2-83
GLGB_MYCTU	127-223	Q9X2G0	276-357
Q9RTB7	26-115	Q9X2G0	15-98
GLGB_BACSU	23-115	Q45643	46-114
Q59242	23-115	Q9X2G0	126-217
O84874	117-209	TREZ_ARTSQ	5-90
O49185	62-153	TREZ_MYCTU	2-68
GLGB_YEAST	59-153	Q55088	1-79
Q9Y8H3	47-147	Q53641	1-79

Tabelle 1 Aminosäuresequenzen, enthalten in dem „seed alignment“, das zur Erstellung des HMM für die Pfam Isoamylase Domäne (PF 02922) verwendet wird. Angegeben sind die „accession“ Nummer (Acc No) oder der Name (Entry Name), unter welcher/welchem die entsprechenden Aminosäuresequenzen in der SwissProt Datenbank eingetragen sind. Weiterhin sind diejenigen Abschnitte der Aminosäuresequenzen des entsprechenden SwissProt Eintrages angegeben, die Bestandteil des „seed alignments“ sind (Aminosäure Nr.).

SwissProt Acc No. oder Entry Name	Aminosäure Nr.	SwissProt Acc No. oder Entry Name	Aminosäure Nr.
AMYM_BACLI	137-479	CDG1_PAEMA	46-426
MALZ_ECOLI	128-522	CDGT_BACOH	44-420
APU_THESA	393-821	AMYB_PAEPO	751-1107
APU_THEET	390-820	AMYA_ASPOR	34-390
CDAS_THEET	136-494	AMY1_DEBOC	49-405
NEPU_BACST	139-497	AMY1_SACFI	40-396
AMYM_BACAD	139-497	AMY1_ECOLI	193-611
AMY2_DICTH	138-470	ISOA_PSEAY	209-652
MALT_AEDAE	29-425	AMY_BUTFI	126-520
MAL2_DROME	30-432	AMY_BACSU	41-383
MAL3_DROME	31-428	AMY_THECU	40-392
MAL1_DROME	35-420	AMY_STRHY	37-360
MAXS YEAST	17-441	AMY_STRGR	35-372
MAYS YEAST	22-446	AMY_ALTHA	28-373
MA3S YEAST	21-443	AMYA_AERHY	26-369
TREC_ECOLI	15-414	AMYC_HUMAN	26-413
TREC_BACSU	16-418	AMYA_DROME	29-396
O16G_BACSP	11-420	AMY1_AERHY	22-379
O16G_BACCE	13-419	AMT4_PSESA	38-387
DEXB_STRMU	13-394	AMY2_ECOLI	12-402
AMY_BACME	44-406	AMY_BACLI	34-420
AMY3_DICTH	39-381	AMY_BACAM	34-422
AMY_STRLI	77-520	AMT6_BACS7	40-426
CDGT_KLEPN	47-463	AMY3_WHEAT	26-348
AMYM_BACST	46-430	AM3A_ORYSA	29-367
CDGT_BACST	47-425	AMYA_VIGMU	24-361
AMYR_BACS8	46-425	AM2A_ORYSA	23-366

Tabelle 2 Aminosäuresequenzen, enthalten in dem „seed alignment“, das zur Erstellung des HMM für die Pfam Alpha-Amylase Domäne (PF 00128) verwendet wird. Angegeben sind die „accession“ Nummer (Acc No) oder der Name (Entry Name), unter welcher/welchem die entsprechenden Aminosäuresequenzen in der SwissProt Datenbank eingetragen sind. Weiterhin sind diejenigen Abschnitte der Aminosäuresequenzen des entsprechenden SwissProt Eintrages angegeben, die Bestandteil des „seed alignments“ sind (Aminosäure Nr.).

Tabelle 3 Angaben zur Erstellung des HMM für die Pfam Isoamylase Domäne (PF02922)

HMMER2.0 [2.3.1]																					
NAME	Isoamylase_N																				
ACC	PF02922																				
DESC	Isoamylase N-term																				
LENG	121																				
ALPH	Amino																				
RF	no																				
CS	no																				
MAP	yes																				
COM	hmmbuild -f HMM _ls.ann SEED.ann																				
COM	hmcalibrate --seed 0 HMM _ls.ann																				
NSEQ	65																				
DATE	CKSUM 3012																				
GA	2.3.2.3																				
TC	2.3.2.3																				
NC	2.1.2.1																				
XT	-8455 -4 -1000 -1000 -8455 -4 -8455 -4 -8455 -4																				
NULT	-4 -8455																				
NULE	595 -1558 85 338 -294 453 -1158 197 249 902 -1085 -142 -21 -313 45 531 201 384 -1998 -644																				
EVD	-56.889790 0.222419																				
HMM	m->m	m->i	m->d	i->m	d->m	d->i	d->d	b->m	b->i	b->d	b->b	m	n	p	q	r	s	t	v	w	y
1	-32	433	-2912	-5203	-4583	312	-4575	-3427	-2412	-4218	-2763	739	-4157	2303	-3877	-1058	-777	159	-2330	1852	3373
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249
-	-1	-10660	-11703	-894	-1115	-701	-1378	-32	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
2	-503	-4276	-455	1534	635	1339	-2632	-1609	373	78	463	-1115	-680	241	-2737	-924	-593	-1619	43	316	2
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249
-	-1	-10857	-11899	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
3	-806	-4386	-2899	-88	-1199	-4001	-313	-1878	1255	-1032	-3486	-2653	2668	-172	105	545	387	-400	-4594	-3936	3
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249
-	-1	-10916	-11958	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
4	-1972	-3101	-5615	-1806	2143	-2106	-3892	-829	-4575	2525	1112	-4465	-4871	-4199	-3776	-1753	-1159	-2514	-3558	1139	4
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249
-	-1	-10916	-11958	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
5	-1026	-63227	-1172	-753	-6643	3551	-4321	-471	-1174	-6434	-5732	-3689	-5515	-3996	-5049	-4652	-4943	-6008	166	-5877	5
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249
-	-1	-10941	-11983	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
6	2712	446	-5632	-1558	482	-1817	-3713	-635	-4593	-29	-2327	-4485	109	-4218	-4397	-260	-3237	343	-3582	161	6
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249
-	-1	-10941	-11983	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*

7	-1172	-4458	-2893	183	-1229	-4010	3316	-580	-1	-4467	-169	1206	-4102	-102	-67	428	1327	312	-4653	-3981	7		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-1	-10941	-11983	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	-159	-603	-2400	-4198	1637	-1158	168	-1606	-1672	834	1850	2394	
8	-427	-3201	-5058	-841	1372	-4149	-3587	346	*	210	-626	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	8	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	-335	-10941	-2276	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	7	-1953	322	-3267	244	-1346	1174	-268	144	-340	-577	-4365	380
9	-554	121	1665	593	-4483	-1316	276	*	*	*	106	-626	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	9
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
10	797	-3873	616	858	-4188	1176	-2048	-3935	-458	-1843	-2963	-2026	1626	-1590	99	164	-514	-1189	663	-15	10		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-46	-10244	-5043	-894	-1115	-4637	-59	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
11	1	-14	-3841	1826	1314	-810	836	-2009	-1276	467	-1532	-2931	448	230	775	-2097	-2257	-855	-988	-4026	-3345	11	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-1075	-10201	-931	-894	-1115	-1364	-709	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
12	-847	832	1648	-1300	-3762	-5553	1139	-810	389	-1423	2049	1275	-3064	738	-253	-621	912	-3067	-3637	-2959	12		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-511	-9739	-1751	-894	-1115	-5168	-41	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
13	-2797	-4407	-1367	2261	-4735	892	-2276	-4550	-2156	-4468	-3642	1207	-3560	823	-2778	-2580	2401	-4063	-4646	-3831	13		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-305	-9232	-2404	-894	-1115	-5452	-33	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
14	-88	1322	-3700	1196	-1379	-398	1869	1265	-2718	-141	1929	-2663	-3139	-2380	-2591	-2162	-1503	1517	-1876	-1528	14		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-90	-8931	-4097	-894	-1115	-5563	-31	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
15	-1344	-2813	2288	288	602	-240	1306	-2880	499	-2828	-1903	1507	-2408	683	-1068	-1224	-1284	289	-2998	-2315	15		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-139	-8846	-3483	-894	-1115	-4086	-88	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
16	-1947	-2556	-4788	-5046	-5091	3282	-4399	-4868	-4947	-5141	-4214	-3556	477	-4449	-4699	816	-2415	335	-5331	-5237	16		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-1391	-8903	-698	-894	-1115	-2384	-307	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
17	1320	-2772	-1292	2128	-3091	-2427	-1158	-2783	864	-2816	-1944	-1122	1166	-729	-1233	-1401	-1440	802	-3046	-2410	17		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-2	-10095	-11137	-894	-1115	-1909	-447	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
18	19	500	-3988	418	-9845	-894	-1115	-1304	-749	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	-165	-3738	1692	-454	-4041	-89	-1948	-3779	1272	-1513	-2833	353	-3378	-1495	-2044	-2196	459	2044	-3933	-3260	18		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-32	-10365	-5558	-894	-1115	-138	-3458	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
20	-904	-4476	607	-506	-1213	2552	-196	-696	627	-4492	-3565	-12	-360	186	-434	81	-490	-4098	-4659	-771	20		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-1	-10917	-11959	-894	-1115	-250	-2654	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		

2 1	-903	-3200	-5719	-5083	-433	-1893	-3792	860	-4778	-1338	-2403	-4567	-543	-4301	-4478	-4006	2145	2518	1631	512	21				
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249				
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	-	*	*	-406	-450	-4488	-3587	1974	-4189	-2312	1656	-1028	1578	714	-4694	444		
2 2	-1902	-4488	-1380	-132	190	-4097	-526	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249	22			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249				
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	-	*	*	-381	399	106	-4076	-481	-1791	587	-2183	-3649	-2714	-4169	-413	962	1507	
2 3	-1835	-3207	-5724	-5089	-3969	-2056	-3796	-432	-4684	-325	-2409	-4572	-4977	-4306	-1411	-1974	-3321	-410	-3659	1564	23	23			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249				
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	-	*	*	-1149	-2821	-1804	963	-2327	-3447	-2834	-1077	-2403	2409	501	896	-3897	-4578	
2 4	1377	1196	-1346	-2546	-4550	-4149	-2821	-1804	-210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249	24			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249				
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	-	*	*	-5013	-3887	-1194	-4761	1669	-2465	-4654	-5058	-4386	-4568	-4099	-3396	2623	-3750	265
2 5	-1482	-3277	-1253	931	-116	-5013	-3887	-1194	-4761	-1669	-2465	-4654	-5058	-4386	-4568	-4099	-3396	2623	-3750	265	25	25			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249				
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	-	*	*	-1149	-2821	-1804	963	-2327	-3447	-2834	-1077	-2403	2409	501	896	-3897	-4578	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249				
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	-	*	*	-1149	-2821	-1804	963	-2327	-3447	-2834	-1077	-2403	2409	501	896	-3897	-4578	
2 6	-7835	-6573	-7990	-1924	2064	-1893	-4102	-6546	-7815	-5859	-5949	-6513	-7759	-6639	-1618	-7150	-7486	-6697	5535	2570	26	26			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249				
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	-	*	*	-1149	-2821	-1804	963	-2327	-3447	-2834	-1077	-2403	2409	501	896	-3897	-4578	
2 7	2849	-4354	-5323	-4910	-5332	-4913	-4712	-4952	-1677	-1991	-4458	-1206	-5320	-4560	-4834	-2037	97	-4553	392	-5256	27	27			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249				
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	-	*	*	-1149	-2821	-1804	963	-2327	-3447	-2834	-1077	-2403	2409	501	896	-3897	-4578	
2 8	-664	-4943	-3578	156	-5759	-1752	-3603	-5508	-1616	-5465	-4564	-3477	-3730	-3175	-1215	697	-1675	-4961	-5617	-4985	28	28			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249				
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	-	*	*	-1149	-2821	-1804	963	-2327	-3447	-2834	-1077	-2403	2409	501	896	-3897	-4578	
2 9	-36	-4571	-945	163	-4892	336	-2269	-2129	-74	-4587	-3661	-2138	-4166	-261	-1460	-822	1414	-682	-4755	700	29	29			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249				
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	-	*	*	-1149	-2821	-1804	963	-2327	-3447	-2834	-1077	-2403	2409	501	896	-3897	-4578	
3 0	3362	-5080	-3960	-1527	-6477	-2136	-4534	-6257	-4423	-6303	-5432	-1004	-811	-1072	-4921	178	-4321	-1632	-6500	-5893	30	30			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249				
-	-18	-11023	-6420	-894	-1115	-701	-1378	-	*	*	-1149	-2821	-1804	963	-2327	-3447	-2834	-1077	-2403	2409	501	896	-3897	-4578	
3 1	-1049	-4555	148	1463	-4875	-4058	-2716	-993	1147	-2673	-863	-983	-4151	1892	1235	-590	1202	-788	-4739	-834	31	31			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249				
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	-	*	*	-1149	-2821	-1804	963	-2327	-3447	-2834	-1077	-2403	2409	501	896	-3897	-4578	
3 2	331	-4572	491	954	-1179	489	-470	-4643	352	-2337	-3661	1027	-1906	-33	1510	470	-638	-1887	122	-866	32	32			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249				
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	-	*	*	-1149	-2821	-1804	963	-2327	-3447	-2834	-1077	-2403	2409	501	896	-3897	-4578	
3 3	922	36	-7042	-6525	-4477	-6466	-5600	-626	-6240	-1110	-433	-6118	-6412	-5948	-2134	-5634	-4511	3460	-5365	-4988	33	33			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249				
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	-	*	*	-1149	-2821	-1804	963	-2327	-3447	-2834	-1077	-2403	2409	501	896	-3897	-4578	
3 4	619	-4558	-156	758	-499	-4076	-481	-1791	587	-2183	-3649	-2714	-4169	-413	962	1507	976	-1017	-4745	910	34	34			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249				
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	-	*	*	-1149	-2821	-1804	963	-2327	-3447	-2834	-1077	-2403	2409	501	896	-3897	-4578	
3 5	-2161	-4635	-7592	-7120	-1252	-1604	-6387	540	-6901	2467	-3458	-6804	-6949	-6529	-6603	-6367	-5011	2356	-5892	-5607	35	35			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249				
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	-	*	*	-1149	-2821	-1804	963	-2327	-3447	-2834	-1077	-2403	2409	501	896	-3897	-4578	

3 6	557	2801	-1721	-4985	-388	-4905	-248	1189	140	248	-41	-4518	-4956	-1129	-1396	-1302	194	1652	-3666	-218	36					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249						
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	-501	-5277	1969	-2773	-5161	-5523	-4899	-5089	-4605	-1925	945	-4259	-3925	37		
3 7	924	-3659	-6262	-5655	-56	2370	-4436	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249						
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249						
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	-1027	-2644	-1377	-3222	-282	-198	-1254	-3095	914	-667	-1060	-4386	2201	38		
3 8	3164	-4080	2121	-411	1807	-919	-2937	-1027	-2644	-1377	-3222	-282	-198	-1254	-3095	914	-667	-1060	-4386	2201						
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249						
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*				
3 9	-1317	-4571	1686	-44	3174	-492	570	-4642	414	-4587	-3660	-715	-4166	-2272	-1098	55	-637	-1613	-4755	-4072	39					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249						
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*					
4 0	584	-4574	362	369	-4895	-1946	-2733	-4646	367	-1673	-3664	3036	1201	-2273	-1400	-914	-302	-4196	-4758	-4075	40					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249						
-	-74	-11023	-4329	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*					
4 1	-1777	-4504	1404	142	-4824	1166	1065	-4574	-2246	-2300	-3593	2273	194	-772	-215	-398	-459	-878	189	96	41					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249						
-	-1080	-10949	-976	-894	-1115	-2265	-337	*	*	*	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*					
4 2	10	-3574	1431	899	-3894	1158	-1734	-3645	-50	-1313	-2663	1007	-267	-1275	-1822	504	-735	-3195	-3757	-263	42					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249						
-	-268	-9872	-2622	-894	-1115	-5207	-40	*	*	*	-1115	-5207	-40	*	*	*	*	*	*	*	*					
4 3	-1897	-3368	980	558	-3688	1508	642	-3438	-1111	-100	-2457	771	-226	1860	-284	-1778	-45	-979	-3552	-2869	43					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249						
-	-786	-9617	-1256	-894	-1115	-5379	-35	*	*	*	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*					
4 4	-1320	-2780	642	-620	-3110	845	-953	-2859	1750	-2805	-1880	897	64	-494	447	644	269	-338	-2974	-2292	44					
-	-145	-500	232	43	-381	398	105	-627	210	-466	-721	275	393	48	95	359	117	-369	-294	-246						
-	-4000	-1761	-638	-49	-4913	-5694	-28	*	*	*	-1761	-1077	-3545	-1203	-3463	-2733	1962	2482	-734	-1954	-1382	-1715	-3025	-3646	-2736	46
4 5	-1645	-3285	2437	-36	-3659	-1761	-1077	-3545	-1203	-3463	-2733	1962	2482	-734	-1954	-1382	-1715	-3025	-3646	-2736						
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249						
-	-624	-7367	-1535	-894	-1115	-407	-2026	*	*	*	-1115	-407	-2026	*	*	*	*	*	*	*	*					
4 6	-2743	-4200	-915	509	-4517	-3717	303	-4263	689	-1027	-3291	-2355	-1213	-385	645	-2625	-905	-1471	5255	-3708	47					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249						
-	-1	-10608	-11650	-894	-1115	-3058	-185	*	*	*	-1115	-3058	-185	*	*	*	*	*	*	*	*					
4 7	-1155	-4079	2253	-120	-880	-3775	1342	-615	-2051	-2023	-3186	1492	960	383	-2546	-137	-2712	495	-4303	361	48					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249						
-	-1	-10641	-11663	-894	-1115	-56	-4726	*	*	*	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*					
4 8	656	-4516	-1114	731	-1260	1230	465	-242	-98	-1569	-3612	-2734	461	159	-654	-1260	819	-242	1382	50	49					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249						
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-381	-2026	*	*	*	-1115	-381	-2026	*	*	*	*	*	*	*	*					
4 9	-3100	-4560	-1116	1388	96	-908	885	-119	-725	-1440	1409	536	-4169	1003	1235	22	807	-488	-4746	-4067	50					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249						
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*						

5 0	941	-115	-708	1773	-4860	-1149	-2738	-824	-1301	-2538	698	-1344	-4171	-814	930	554	1279	-254	-4739	-4062	51
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
5 1	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	-	332	-2575	364	-4775	-722	-67	-3740	41	1148	-3814	285	52	
-	420	-3382	-1879	-4044	439	-4712	3032	1305	-703	-275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	-	332	-2575	364	-4775	-722	-67	-3740	41	1148	-3814	285	52	
5 2	-1952	-4573	-58	669	-4895	-4073	-2732	-645	-493	-4589	-3663	-338	2995	1442	619	-833	-73	-260	-4757	-4074	53
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	-	332	-2575	364	-4775	-722	-67	-3740	41	1148	-3814	285	52	
5 3	-1059	-3213	-1623	-1804	-243	-4921	-3789	-2702	-1610	-1632	4259	-4550	-4971	-4279	-4465	-4004	-3320	-593	-3668	798	54
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	-	332	-2575	364	-4775	-722	-67	-3740	41	1148	-3814	285	52	
5 4	-1227	-4571	654	-1153	-4892	-1716	-1453	-1841	1364	-4587	-3661	-2708	59	-40	903	-880	1286	260	-4755	34	55
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-404	-11023	-2098	-894	-1115	-701	-1378	-	332	-2575	364	-4775	-722	-67	-3740	41	1148	-3814	285	52	
5 5	-2745	-4145	-2622	504	-415	-3731	392	-4166	1748	-594	-372	-768	1315	-1943	1913	493	-1052	-1625	-4347	183	56
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1381	-10620	-70	-894	-1115	-4109	-86	-	332	-2575	364	-4775	-722	-67	-3740	41	1148	-3814	285	52	
5 6	-1634	-2867	-129	-1035	-3099	918	-1317	-330	201	713	-1982	-1326	-2738	-894	930	1536	714	-2441	-3108	-2486	57
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1723	-9243	-524	-894	-1115	-4411	-69	-	332	-2575	364	-4775	-722	-67	-3740	41	1148	-3814	285	52	
5 7	-1133	-2513	-524	1978	-2771	1477	-678	-2535	1066	-2508	-1648	-560	-2097	-257	-717	-1002	-1082	-2134	-2676	1915	58
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1253	-7810	-796	-894	-1115	-3061	-184	-	332	-2575	364	-4775	-722	-67	-3740	41	1148	-3814	285	52	
5 8	-994	-1426	1440	-1034	-1461	-2223	-963	-1010	-885	-66	1503	-1180	-2299	-782	1512	-1199	1429	886	-1816	-1370	59
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-	-7	-8190	-9232	-894	-1115	-906	-1100	-	332	-2575	364	-4775	-722	-67	-3740	41	1148	-3814	285	52
5 9	-2441	-3911	36	615	-610	-1517	1889	-3980	1235	-227	-3000	1723	366	-1615	1057	-1067	-2380	479	-4095	-3413	60
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-78	-10278	-4270	-894	-1115	-1209	-817	-	332	-2575	364	-4775	-722	-67	-3740	41	1148	-3814	285	52	
6 0	-272	-4175	1427	-249	-4496	825	-235	-923	391	-577	-3265	976	-3770	-602	1682	165	-1303	-978	-4359	-3676	61
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-81	-10580	-4214	-894	-1115	-18892	-456	-	332	-2575	364	-4775	-722	-67	-3740	41	1148	-3814	285	52	
6 1	-713	-4275	2377	1673	-4595	133	-2427	-1328	-1103	-4291	-3366	-246	-1321	-1969	-2526	-881	1896	-3897	-4459	-3773	62
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10626	-11668	-894	-1115	-373	-2136	-	332	-2575	364	-4775	-722	-67	-3740	41	1148	-3814	285	52	
6 2	-443	-4504	216	-81	1410	1699	-313	-4575	-1074	-4520	-3593	1620	-329	2	-304	636	-837	-4126	-4687	-209	63
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10947	-11990	-894	-1115	-2966	-	332	-2575	364	-4775	-722	-67	-3740	41	1148	-3814	285	52		
6 3	-1102	-4838	403	-2956	-707	3185	-502	-4688	-3155	-4786	-746	1368	-4754	-1258	-3662	-3660	-4391	-4953	421	64	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-1378	-	332	-2575	364	-4775	-722	-67	-3740	41	1148	-3814	285	52		

6 4	-990	-3200	-5718	-5082	406	-4921	-3792	1807	-422	-810	-2403	-1483	-4971	-4300	-4477	-4005	105	2648	1942	674	65
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	66
6 5	-7684	-6590	-8044	-8406	1262	-7926	-4105	6567	-7962	-5868	-5967	-6534	-7780	-6767	-7320	-7179	-7532	-6724	6021	1346	66
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-
-	-24	-11023	-5537	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	67
6 6	-1081	-39	-645	2092	-4866	-2001	3120	-4613	-2304	-4563	-3640	-2697	-4153	-2262	-312	1595	956	-1784	-4735	-4055	67
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-
-	-1	-10999	-12041	-894	-1115	-387	-2088	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	68
6 7	1191	1498	-5739	-5104	-3173	-675	-3816	1715	-4700	1112	-209	-4589	-4992	-4323	-4500	-4028	-68	1675	1543	-3338	68
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-
-	-1	-11023	-12085	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	69
6 8	-607	-4400	-3047	467	2483	-4124	-415	-4347	-571	-2213	-3509	-1371	-4215	-707	-22	-411	1595	1122	-4629	1250	69
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-
-	-1	-11023	-12095	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	70
6 9	-1125	-3258	-5787	-5155	-3223	-430	-3875	1839	-1620	1905	-2463	-4642	-5043	-4379	-4556	-4083	-1271	2065	163	-3395	70
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-
-	-1	-11023	-12095	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	71
7 0	-1005	-4574	94	1232	-1268	-949	305	-4645	-597	-4590	-3663	-423	3130	-2273	-1334	-922	664	-4196	-4757	-4074	71
-	-149	-500	233	43	-381	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-
-	-799	-11023	-1236	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	72
7 1	-1035	-3869	42	-553	-4190	-2429	-2028	-3940	383	-1291	-2958	-754	531	23	131	-774	-203	-1418	-4052	-3369	72
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-
-	-1736	-10226	-517	-894	-1115	-3087	-181	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	73
7 2	727	-2766	1622	-596	-3081	-2270	1180	-2828	1226	-563	-1858	1347	-2368	-480	-1030	1120	-1245	-2385	-2953	-2272	73
-	-148	-501	232	48	-382	397	104	-627	211	-467	-722	277	395	47	95	359	116	-368	-296	-250	-
-	-3941	-523	-2066	-22	-6038	-5709	-28	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	75
7 3	-3993	2287	-826	-4113	136	-1685	-3935	-1635	-3872	-3056	2772	865	-1307	-2288	-1905	989	-3409	-4081	-3243	-3243	75
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-
-	-6	-8385	-9427	-894	-1115	-5796	-26	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	76
7 4	-3370	-3802	-3346	-3527	-5498	-3620	-3660	-5604	777	-5453	-4841	-3488	-4255	-3494	-3154	-3491	-3663	-4841	-4854	-5028	76
-	-150	-501	234	42	-382	397	104	-627	211	-466	-722	276	393	44	95	363	118	-368	-296	-250	-
-	-3549	-131	-9427	-22	-6038	-4725	-56	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	78
7 5	-1261	2000	664	-2358	951	-2717	-1566	-733	-2084	267	-424	-2139	2442	-1824	-2112	228	-1206	633	-1672	-1309	78
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-
-	-6	-8531	-9573	-894	-1115	-263	-2585	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	79
7 6	892	-4282	1991	467	-4556	495	-5283	504	-1276	-622	-3384	-162	-482	-2140	-2683	-213	284	-489	-4495	-845	79
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-
-	-1	-10819	-11861	-894	-1115	-92	-4010	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	80
7 7	-874	-3305	-4976	-1454	194	-2338	-3621	1526	-963	1775	-2502	-1534	-110	-1436	-945	-1080	-1758	820	2649	-3384	80
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	81
7 8	-357	-4572	685	917	-4893	291	1424	-1497	1572	-2482	-3661	-1041	1991	-939	-2819	-661	172	4194	-4755	-1177	81
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-
-	-536	-11023	-1691	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	-

7.9	-660	139	903	1067	-4364	1116	2881	-1448	-444	-1437	-3153	877	1160	-1812	-2358	-2514	-2565	-571	-4253	-3580	82	
-	-149	-501	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-	
-	-351	-10483	-2216	-894	-1115	-3008	-192	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	83
8.0	-1185	335	497	-1714	-4146	2833	-2042	-3887	-556	-1696	-2934	1660	-3471	-1568	-450	-830	-926	-3452	-4032	-3359	-249	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-	
-	-490	-10207	-1801	-894	-1115	-4876	-50	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	84
8.1	961	-3448	-1830	-230	-3765	-909	654	-3512	-1203	-3462	-2559	47	-3054	1533	-1710	1907	1572	-3068	-3635	-139	-	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-	
-	-2627	-9720	-257	-894	-1115	-5316	-37	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	85
8.2	-1425	-2189	-1160	-1096	-3294	2933	-1286	-3062	1835	-3036	-2313	-1209	-2398	-964	-760	-1448	-1559	-2556	-2967	-2661	-	
-	-150	-501	232	42	-381	402	105	-621	209	-465	-721	274	393	44	95	358	120	-370	-295	-250	-	
-	-2273	-761	-2301	-1549	-603	-1681	-539	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	89
8.3	77	-3267	-66	57	205	2688	-1433	-3332	-1020	-3281	-2359	196	-2864	490	112	-1682	-253	-2887	-3453	-2771	-	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-	
-	-3	-9452	-10494	-894	-1115	-1361	-711	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	-
8.4	627	582	-868	-3565	-2609	-4071	385	-2156	-731	530	1415	-3416	-4131	1816	-3398	-1179	229	1180	1903	1485	90	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-	
-	-2	-10259	-11301	-894	-1115	-33	-5486	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	91
8.5	998	-272	-1312	147	944	-4088	-2749	-4547	636	767	-3613	-779	-4180	238	1884	-541	-545	-490	-4716	1812	-	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-	
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	-
8.6	-4871	-522	-7273	-6801	-4006	-6725	-5389	401	-6490	-2106	-3511	-6303	-6634	-298	-6337	-5905	-4829	-209	-4919	4584	92	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-	
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	-
8.7	7	-4545	-2961	83	-4853	1479	-96	-4595	2534	-252	-347	-2720	-4173	-532	-337	-1539	-525	-1911	-4736	5	93	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-	
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	-
8.8	-1905	-3714	-6172	-5598	2582	-524	-3923	369	-837	-1692	-2896	-4990	-5458	-4757	-4969	-4518	-3857	-847	261	4039	94	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-	
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	-
8.9	-491	-44	-3807	1600	-142	-4457	-3193	-179	356	-893	-442	-1006	-4533	-1131	-2679	-2040	-1632	-273	-4076	53	95	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-	
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	-
9.0	-361	192	-5979	-5354	1663	-5204	-4093	2161	-4960	280	1877	-4850	-5237	-4582	-4765	-4296	-3560	-2082	-3938	236	96	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-	
-	-1	-11023	-12065	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	-
9.1	-1360	856	1256	-178	-448	-4116	2442	-140	738	-1771	-3532	-893	-4207	-601	1	-1669	1115	658	2043	-1166	97	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-	
-	-52	-11023	-4840	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	-
9.2	-1767	-4492	391	-332	-4797	2982	1139	-650	-2383	-2336	-3585	798	-1471	-2241	342	-592	898	872	-4684	-4011	98	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-	
-	-1	-10972	-12014	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	-
9.3	-166	-653	1178	-302	-1166	473	1013	-1718	-621	-4575	-3651	922	1911	-938	-89	-2982	-235	-1085	9	1464	99	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-	
-	-23	-11023	-6015	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	-

9 4	-17	-4552	1435	-686	585	753	1661	-4623	-482	-4568	-3641	1595	-510	-798	-1193	843	-1359	-4174	858	596	100		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249		
-	-1352	-11001	-718	-894	-1115	-1381	-699	*	*	*	-3462	1102	-191	-2483	165	1197	777	-1644	-519	-1862	-3014	326	
9 5	990	-3393	-409	-208	-3713	-2897	1789	-3462	1102	-191	-2483	165	1197	777	-1644	-519	359	117	-369	-294	-249	101	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249		
-	-154	-9651	-3326	-894	-1115	-5359	-36	*	*	*	-3174	424	-3125	-3279	170	3097	-1914	-2648	1632	-2688	-3687	-4239	
9 6	-2694	-4027	-1734	21	1263	-320	986	-4084	-2097	-4097	-3279	170	3097	-1914	-2648	1632	359	117	-369	-294	-249	102	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249		
-	-212	-9501	-2885	-894	-1115	-5443	-34	*	*	*	-3174	424	-3125	-3279	170	3097	-1914	-2648	1632	-2688	-3687	-4239	
9 7	590	-3111	230	1845	424	-2623	751	-3174	424	-3125	-3279	170	3097	-1914	-2648	1632	359	117	-369	-294	-249	103	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249		
-	-1738	-9292	-517	-894	-1115	-5540	-31	*	*	*	-3362	-969	-3273	-2473	1657	-2265	-619	-1653	-1329	-1592	-2876	-3460	
9 8	763	-3278	2505	1841	-3526	-1860	-988	-3362	-969	*	-3273	-2473	1657	-2265	-619	-1653	-1329	-1592	-2876	-3460	-2597	104	
-	-143	-505	238	38	-376	401	100	-629	210	-470	-726	274	388	42	90	364	117	-364	-264	-269	-255		
-	-1546	-1217	-2137	-4002	-93	-2398	-303	*	*	*	-2870	1001	-799	-1912	420	-2450	1522	180	-1265	-1317	-447	-3010	
9 9	924	1118	-1238	1857	-3128	-2357	-1016	-2870	1001	-799	-1912	420	-2450	1522	180	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249		
-	-8916	-9958	-894	-1115	-776	-1266	*	*	*	-6619	-4334	-6569	-5824	-3559	-5159	-467	-555	-491	-238	-5843	-6723	-6952	
10 0	-4244	-5377	-645	-3281	-6758	-3521	-4264	-6619	-4334	-6569	-5824	-3559	-5159	-467	-555	-491	-238	-5843	-6723	-6952	123		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249		
-	-1366	-10466	-710	-894	-1115	-4472	-67	*	*	*	-2470	-3746	-328	-66	1100	1005	-2677	1275	-1401	87	-1485	40	-2901
10 1	-1545	-2628	-3	-1022	-2810	-2887	-3746	-2470	-3746	-328	-66	1100	1005	-2677	1275	-1401	87	-1485	40	-2901	-2314	124	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249		
-	-4	-9104	-1046	-894	-1115	-4056	-89	*	*	*	-3113	-293	-902	-2201	-1366	-2803	625	2944	-213	-1671	-2712	1867	
-	-1738	-3101	318	-1072	-3934	-2715	-1350	-3113	-293	-902	-2201	-1366	-2803	625	2944	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249		
-	-4	-9439	-10481	-894	-1115	-3745	-112	*	*	*	-2661	-1872	-348	-2999	382	-17	-1850	-1768	-164	-3033	1694	126	
10 2	-1830	1786	-1979	181	3110	-2914	-1599	-2494	187	-2661	-1872	-348	-2999	382	-17	-1850	-1768	-164	-3033	1694	126		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249		
-	-3	-9439	-10481	-894	-1115	-3895	-100	*	*	*	-1211	-1759	-3039	-1211	-1759	-3039	-421	-1882	354	-3396	422	127	
10 3	-1173	-4422	150	-4731	-3955	-2614	874	-1211	-1759	-3039	-1211	-1759	-3039	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249		
-	-3	-9567	-10509	-894	-1115	-193	-2999	*	*	*	-1665	-3460	317	1944	1076	-1255	-904	-1341	851	1747	-760		
10 4	-1642	-4357	-2912	1666	-1270	-1006	1125	-809	-1170	-1665	-3460	317	1944	1076	-1255	-904	359	117	-369	-294	-249	128	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249		
-	-30	-10913	-5643	-894	-1115	-2658	-249	*	*	*	-949	1499	-102	-430	1040	942	-2398	1137	-958	-317	885	-4527	
10 6	-1173	-4422	150	-4731	-3955	-2614	874	-758	-114	-3514	894	-4047	971	-224	68	369	117	-369	-294	-249	129		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249		
-	-1	-10885	-11927	-894	-1115	-400	-2047	*	*	*	-4523	1289	-2395	-4458	-4921	-4178	-1295	-2068	-1548	979	2426	1188	
10 8	-3341	-3194	1900	485	588	-4869	-297	-72	-4523	1289	-2395	-4458	-4921	-4178	-1295	-2068	-1548	979	2426	1188	131		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-249		
-	-21	-10996	-12038	-894	-1115	-1491	-634	*	*	*	-2168	-363	-1115	-1115	-1115	-1115	-1115	-1115	-1115	-1115	-1115	-1115	

Tabelle 4 Angaben zur Erstellung des HMM für die Pfam Alpha-Amylase Domäne (PF_00128)

7	-1460	-4497	-7039	-6833	4401	-1492	-4848	-946	-6493	-1435	-3124	-5813	-6017	-5797	-6161	-4966	-4659	-3568	-4250	-3409	7
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	39	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
8	1015	-4092	-2467	1414	-4412	-3593	301	-4163	1059	-4107	425	1248	-3686	544	382	119	-68	-1924	-4275	1332	8
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-474	-10485	-1840	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
9	-798	-3710	1318	381	-4030	-3204	-1857	-3781	-229	-3725	-2800	1805	-3390	-1408	1149	-673	-500	-3332	-4434	-3210	9
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-2	-10013	-11055	-894	-1115	-3804	-107	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
10	-754	-3691	95	139	-4012	2378	-1850	-3763	799	-3707	-2780	504	-3285	226	170	-222	-208	-3313	-3874	686	10
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-283	-10013	-2495	-894	-1115	-323	-2316	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
11	-2420	-3619	3319	-531	-3837	-1144	-2112	-3520	-1746	-919	-489	654	-3528	-1695	-2232	-35	-195	-922	-3868	-169	11
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-87	-10204	4120	-894	-1115	-3240	-161	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
12	-1036	-3694	-489	-1650	-3978	-3303	-1986	-873	862	-3694	-2794	-232	-2148	-1519	-889	1520	1384	-893	1820	-3242	12
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-2	-10119	-11161	-894	-1115	-3527	-131	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
13	-1310	-3777	1225	-400	-4097	-3280	-1939	-948	123	-916	-2866	1965	-671	-1479	669	1690	587	-3398	-3961	-3279	13
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-2	-10119	-11161	-894	-1115	-3527	-131	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
14	-2309	669	102	248	-4055	1478	544	-181	276	-1468	-2841	2669	-3381	-463	-2039	-2195	-130	-963	-3940	-3266	14
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-166	-10119	-3211	-894	-1115	-3527	-131	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
15	507	-4662	3087	-356	-4951	-3666	-2603	-4742	-2381	-4670	-3801	1868	-3945	102	-2969	458	-3056	-864	-4846	-4077	15
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-983	-9955	-1020	-894	-1115	-3528	-98	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
16	-1432	-2900	-1279	454	-3222	-2404	849	-2970	551	-295	-1990	1351	2468	970	43	-1313	329	-2523	-3081	822	16
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-224	-8976	-2818	-894	-1115	-4922	48	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
17	347	-2735	145	858	-3055	-1	-898	-2804	-479	-1002	-1825	-875	318	1050	656	1298	635	-2356	-2919	-2237	17
-	-150	-501	237	45	-381	400	105	-627	212	-467	-721	276	393	44	95	358	116	-370	-295	-250	
-	-3921	-996	-1208	-31	-5562	-5023	-45	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
18	-806	-2136	-672	725	-2409	-1787	2069	-2122	-79	-2136	-1251	1334	-1889	-31	-576	1266	1192	187	-2362	-1714	19
-	-149	-500	232	42	-381	398	105	-623	211	-464	-721	275	393	45	97	359	117	-367	-295	-247	
-	-3106	-442	2758	37	-5313	-5259	-38	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
19	-1101	-1851	-1203	-809	-1107	-2079	-2497	-1776	-717	-1890	-1184	-983	2208	-661	-1099	1211	-1094	-1532	-1558	2020	21
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-10	-7715	-8757	-894	-1115	-3229	-163	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
20	456	-2091	880	-981	-1511	-293	-977	-1843	-820	-1991	-1264	-1188	-2490	-787	1164	-1376	-1276	-1631	3621	2948	22
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-7	-8293	-8936	-894	-1115	-1105	-902	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
21	-4548	-5007	-4752	-6164	-3702	931	-6660	-3624	-6413	-5801	-4630	-5444	-4302	-411	-4656	-4785	-5961	-5743	-5570	23	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-923	-9690	-1085	-894	-1115	-4348	-73	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	

22	-2742	752	-578	1125	-55	1540	-2808	674	-2756	-1832	332	-2345	-452	691	1244	-1216	-2362	-2927	-2247	24				
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249				
-	-158	-8772	-2303	-894	-1115	-5017	-45	*	*	-817	-649	-1134	774	455	-742	-1242	-1294	-1479	-2316	-1803	25			
23	1093	-1981	783	-929	714	-2349	1735	-79	-2347	397	104	-628	211	-465	-722	276	395	44	95	360	119	-371	-296	-248
-	-148	-501	232	42	-374	397	-104	-628	*	*	*	-2307	-1499	-1168	508	-775	-1296	1473	-1252	-226	-2655	-2101	27	
-	-3784	-111	-9662	-19	-6287	-5076	-43	*	*	-842	-2307	-1499	-1168	508	-775	-1296	1473	-1252	-226	-2655	-2101	27		
24	1491	-2213	1203	-932	-2512	145	-1141	-177	-842	-2307	-1499	-1168	508	-775	-1296	1473	-1252	-226	-2655	-2101	27			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249				
-	-149	-5	-8620	-9662	-894	-1115	-5076	-43	*	*	*	-2689	-1765	853	-2264	1628	-929	525	1091	-2295	2230	-2175	28	
25	-1203	-2674	235	871	-2992	1087	-833	-2742	-420	-2689	-1765	853	-2264	1628	-929	525	1091	-2295	2230	-2175	28			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249				
-	-149	-5	-8620	-9662	-894	-1115	-5076	-43	*	*	*	-2307	-1499	-1168	508	-775	-1296	1473	-1252	-226	-2655	-2101	27	
26	-1213	2805	793	588	121	632	-986	-1897	-694	-2062	1632	794	-2381	-630	-1146	-1229	64	1647	-2434	1661	29			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249				
-	-149	-5	-8620	-9662	-894	-1115	-5076	-43	*	*	*	-2307	-1499	-1168	508	-775	-1296	1473	-1252	-226	-2655	-2101	27	
27	339	2653	576	-652	-2518	-2231	1886	301	-556	-751	-1446	1155	-2320	-504	1181	294	-1135	-1876	-2586	-1989	30			
-	-150	-501	235	44	-382	397	104	-624	211	-467	-722	276	394	44	95	360	121	-369	-296	-251				
-	-3784	-111	-9662	-19	-6287	-5076	-43	*	*	*	-360	-1720	2015	-2269	1105	-939	43	-1140	-2235	-2820	-2149	32		
28	-39	-2624	1833	352	-2924	-2171	-840	315	-433	-360	-1720	2015	-2269	1105	-939	43	-1140	-2235	-2820	-2149	32			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249				
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249				
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249				
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249				
29	-1168	-1761	-1657	-1066	-1714	1555	-762	-1800	-73	-1896	-1201	-1120	-2243	-520	2066	-1254	-1145	-1562	4088	-1308	33			
-	-150	-501	239	44	-382	397	104	-627	209	-465	-722	276	395	44	95	358	116	-370	-282	-247				
-	-2331	-890	-1933	-1947	-433	-3740	-112	*	*	*	-256	-2550	-1674	-283	1442	-116	1044	-835	-972	-2724	-1985	38		
-	-2546	-1900	1847	-433	-433	-433	-1663	-540	-2615	-256	-2550	-1674	-283	1442	-116	1044	-835	-972	-2724	-1985	38			
30	-1006	-2546	1900	1847	-433	-433	-1663	-540	-2615	-256	-2550	-1674	-283	1442	-116	1044	-835	-972	-2724	-1985	38			
-	-149	-500	234	44	-381	398	105	-627	211	-466	-721	278	393	45	95	359	117	-367	-295	-250				
-	-2612	-263	-8940	-45	-5016	-4191	-81	*	*	*	-3965	-3211	-2515	3791	-3088	-3258	-1512	1591	-2799	-4068	-3935	40		
31	-1276	-1857	-3073	-3276	-3951	-2079	-3114	-2699	-3291	-3965	-3211	-2515	3791	-3088	-3258	-1512	1591	-2799	-4068	-3935	40			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249				
-	-10	-7741	-8783	-894	-1115	-5295	-37	*	*	*	-2639	-347	-2589	-1721	1200	-1948	2872	-909	-878	-1019	-2187	-2775	-2035	41
32	1795	-2196	-565	897	-2705	-1787	-749	-2424	-444	-2454	-1592	1798	-2035	-339	-950	-891	1554	1554	1554	-1990	-2686	-2033	42	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249				
-	-2649	-255	-8527	-44	-5058	-5334	-36	*	*	*	-2418	-193	-2392	-1509	-373	-1867	-113	1666	1096	-836	-1956	-2579	-1901	44
34	-842	-2187	1083	-73	-2670	1600	-538	-4278	-76	-2418	-193	-2392	-1509	-373	-1867	-113	1666	1096	-836	-1956	-2579	-1901	44	
-	-151	-502	235	41	-383	403	103	-629	211	-466	-723	273	396	43	94	357	121	-372	-297	-236				
-	-2649	-1232	-1269	-2921	-204	-4299	-75	*	*	*	-2418	-193	-2392	-1509	-373	-1867	-113	1666	1096	-836	-1956	-2579	-1901	44
35	-468	-852	-1748	-1375	-1367	-1561	-1139	2029	-1215	-1183	-541	-1214	1812	-1077	-1420	1463	-613	-493	-1794	-1390	53			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249				
-	-15	-7122	-8164	-894	-1115	-3735	-113	*	*	*	-2418	-193	-2392	-1509	-373	-1867	-113	1666	1096	-836	-1956	-2579	-1901	44
36	844	-2120	-541	1228	-2414	-1688	-358	-2139	1304	-2120	-1225	1410	-1794	86	-407	-628	-674	-1730	3129	-1660	54			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249				
-	-10	-7701	-8743	-894	-1115	-3998	-416	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		

37	590	-1848	1080	-1680	-1869	-153	-1528	902	-1529	1445	-1028	-22	-313	-1404	-1840	-451	-1448	-1302	2063	-1818	55			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249			
38	-4	-8953	-9995	-894	-1115	-3914	-99	*	*	*	*	1777	-635	-2033	793	-2539	543	1810	54	-163	-2566	-3126	-2445	
-	-1473	-2944	660	-772	-3266	-2446	1929	-3015	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	56		
-	-4	-9047	-10089	-894	-1115	-3200	-166	*	*	*	*	1910	-87	975	38	-2673	-785	-1331	196	912	-2660	-3236	-2561	
39	-1602	-3045	1094	301	197	-2580	1251	-3095	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249			
-	-4	-9230	-10272	-894	-1115	-4772	-54	*	*	*	*	1531	-2337	-4407	-18	-3916	-3879	-4657	-5814	-4740	-5283	-5144	-5247	
40	-360	-4540	-6105	-6279	3176	-5925	-2337	*	*	*	*	210	-626	210	-626	210	-626	210	-626	210	-626	210	57	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249			
41	-2207	3448	-4383	-3804	2865	-3703	2211	-1531	-3416	-289	-1230	-3250	-3744	415	-3228	-2791	56	-1457	1995	950	59			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249			
-	-4	-9230	-10272	-894	-1115	-4772	-54	*	*	*	*	1190	-3635	-2012	-1368	-3526	-3932	-3260	-3439	-2966	-823	489	2156	
42	-2335	1113	-4673	-4038	-357	2872	413	-2872	413	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249			
-	-2	-9861	-10903	-894	-1115	-802	-1230	*	*	*	*	6977	-7616	-7095	-503	-6308	-6630	-6847	-5444	-5649	-6847	2842	-5752	
43	-5229	-5553	-6123	-6490	-6105	3663	-6156	-7798	-6977	-7616	-7095	-503	-6308	-6630	-6847	-5444	-5649	-6847	2842	-5752	61			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249			
-	-2	-10248	-11290	-894	-1115	-2023	-408	*	*	*	*	4154	-488	-1684	-3178	745	-3641	-108	-2336	-92	-85	-3703	-4266	
44	-2660	-4083	3357	-1898	-4399	-187	346	-4154	-488	-1684	-3178	745	-3641	-108	-2336	-92	-85	-3703	-4266	-3575	62			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249			
-	-2	-10288	-11330	-894	-1115	-130	-3539	*	*	*	*	1190	-3635	-2012	-1368	-3526	-3932	-3260	-3439	-2966	-823	489	2156	
45	-7012	-5986	-7498	-7818	-1401	-7363	936	-5780	-7378	-2298	-817	-6000	-7210	-6118	-6752	-6607	-6866	-5998	-4661	1549	63			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-115	-757	-1378	*	*	*	*	1546	-4107	-3181	1061	-1010	2327	653	-349	-2558	-915	1561	1559
46	-940	-4092	196	-331	-4412	-381	-381	-381	-381	-381	-381	-381	-381	-381	-381	-381	-381	-381	-381	-381	-381	64		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	134	-5236	-4372	905	-4479	-2731	-3557	-788	-1041	-4841	-5412	-4633
47	-3634	-5231	826	-129	-129	-129	-129	-129	-129	-129	-129	-129	-129	-129	-129	-129	-129	-129	-129	-129	-129	65		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	1546	-4107	-3181	1061	-1010	2327	653	-349	-2558	-915	1561	1559
48	-1108	-2725	-6245	-4610	-1161	-4452	-3325	-3058	-4207	705	-384	-852	-4500	-3831	-334	-1907	-2841	1462	-3190	-2848	66			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	1546	-4107	-3181	1061	-1010	2327	653	-349	-2558	-915	1561	1559
49	1260	-2803	-1772	-3941	-2771	-1277	-3144	-2217	-3864	539	730	-1442	-4369	-3405	-1052	-1332	1925	-2225	-3248	-2886	67			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	1546	-4107	-3181	1061	-1010	2327	653	-349	-2558	-915	1561	1559
50	-597	-4092	1714	1104	-4413	-3593	-2252	-4164	197	-494	-694	1507	-3686	1818	-122	659	-916	-3714	-4276	-3593	68			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	1546	-4107	-3181	1061	-1010	2327	653	-349	-2558	-915	1561	1559
51	-886	-4102	-1336	653	-4423	-1236	1004	-4174	3069	-4117	-3191	545	-3694	291	394	-607	-2567	-3724	-4284	-3602	69			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	1546	-4107	-3181	1061	-1010	2327	653	-349	-2558	-915	1561	1559

82	-1461	-2933	984	-749	-3253	-139	1474	-3003	-675	-2949	-2024	1555	-2523	717	848	1813	-1401	-2555	-3117	586	115					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-					
-	-4	-9004	-10046	-894	-1115	-1884	-456	*	-1198	-3004	861	669	892	1771	-1680	-1806	1403	888	-3289	1312	116					
83	57	-3035	-1842	31	-3246	482	-1560	-2923	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-				
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	*	-5194	40	*	*	*	*	-436	-3744	-845	-2419	1681	-2625	-971	3835	-3646	117	
-	-3	-9540	-10582	-894	-1115	-1513	-306	-4191	-1910	-4148	-3231	-466	210	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-		
84	873	-4137	291	-1124	-4446	1513	-306	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	*	-1378	-701	-1378	*	*	*	-3872	-4784	-4205	-1573	-1321	3566	3879	118	-		
85	-4176	-4768	1829	-3445	-3695	-1300	-3742	-4659	-4308	-4801	-4205	894	-5163	-3872	-4784	-4205	-1573	-1321	3566	3879	118	-				
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-					
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-1115	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-		
86	-1132	-3799	-861	118	612	-712	4033	-3673	-2003	-1593	-1397	819	-3773	-477	-2483	-2604	327	-3356	1896	-377	119	-				
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-					
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-1115	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-		
87	-1015	-4079	-928	-1940	-4392	2727	230	-4135	1129	-1785	-3172	-2248	340	-1811	835	-221	-2571	-1529	-4268	-3593	120	-				
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-					
88	-7416	-6752	-7795	-8171	-4839	-302	-5956	-8217	-8274	-7590	-7577	-7492	-7408	-7730	-7764	-7573	-7573	-7573	-7573	-7573	-7573	-7573	-7573	121		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-					
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-1115	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-		
89	-4666	-5065	3020	-4360	-296	-5588	143	-4906	-4122	-4709	233	-4314	-5620	-2387	-291	-4603	-4588	-4791	3763	68	122	-				
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-					
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-1115	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-		
90	-285	-2705	-5216	-4581	-2659	-1500	-3296	1800	-4177	411	509	-4068	1915	-1144	-3980	-3509	1879	303	1008	-2821	123	-				
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-					
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-1115	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-		
91	482	-3709	-2718	364	-791	-3717	285	-761	-549	-1726	-2840	-2438	-2438	-3805	801	1137	431	1233	665	-3990	1751	124	-			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-					
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-1115	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-		
92	-4889	-6628	3602	-2998	-7225	-4711	-4283	-7248	-4767	-7097	-6541	1976	-5333	-3990	-5802	1074	-5057	-6580	-7280	-6167	125	-				
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-					
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-1115	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-		
93	-7029	-5996	-7530	-7846	2273	-7404	-7248	-7248	-7412	804	-4944	-6040	-7227	-6136	-6780	-6653	-6877	5902	2046	4054	126	-				
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-					
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-1115	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-1378	-701	-		
94	-2620	1093	-168	384	997	-129	-2255	-4144	1727	-4095	-563	290	-3689	-278	687	-2503	688	-1293	-4268	2168	127	-				
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-					
-	-63	-10466	-4571	-894	-1115	-1141	-872	-399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-			
-	-21	-10485	-6218	-894	-1115	-1157	-1657	-1107	-438	-4397	-1729	212	406	1377	7	-3165	586	-3669	1009	-234	493	-1214	-3698	-3576	128	
95	371	-4076	-317	1265	-4397	-1115	-1115	-1115	-1115	-1115	-1115	-1115	-1115	-1115	-1115	-1115	-1115	-1115	-1115	-1115	-1115	-1115	-1115	-1115	-1115	-1115
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-					
-	-3167	-10464	-172	-894	-1115	-2010	-412	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	-

97	-1053	-2634	1898	158	-2897	-1582	2013	-2699	-340	-2629	-1777	2478	-1882	1472	-923	-857	-1032	-2240	-2803	-2027	130		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-320	-7252	-2377	-894	-1115	-5364	-35	*	*	-1247	-3149	-2741	-1799	-2844	4302	-1363	-2273	-2358	-3074	-2844	-2538	131	
98	-2259	-2673	-1597	-1655	-2974	-2426	-1778	-3343	*	216	-466	-721	275	393	45	96	359	117	-370	-295	-250		
-	-149	-500	233	43	-381	398	105	-627	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	-2113	-387	-7991	-68	-4439	-5394	-35	*	*	-3631	-4384	-3905	-3019	-3114	-3435	-3496	-2545	-2690	-3694	-3457	-3941	133	
99	-2307	-2447	-3004	-3307	-4059	-3719	-3189	-4433	*	210	-466	-721	275	393	45	96	360	121	-370	-295	-250		
-	-149	-500	233	43	-381	398	105	-627	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	-2113	-387	-7991	-68	-4439	-5394	-35	*	*	-3640	-485	-405	-3542	-3714	-3484	-3705	-3175	-1613	-2883	-3068	-2632	135	
100	-1622	-1179	-4160	-3786	-1612	-3872	-3506	2486	*	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
101	-2365	-3834	2901	-520	-4154	-3339	-974	-3903	-1579	-3850	-204	1923	-753	415	106	-2446	-987	-3455	1778	207	136		
-	-149	-500	233	43	-381	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	-149	-500	233	43	-381	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
102	-1119	-4113	-534	-989	-4433	-180	-2271	-4184	-1854	-4129	-3203	-909	2651	-1812	111	685	1324	-3735	-4297	-399	137		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-149	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
103	-1031	-4076	-2475	-234	131	-1570	2594	278	1057	-2352	-611	693	-914	1077	1767	-2504	-327	-3694	-4264	-398	138		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-149	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
104	-3796	-3535	-5916	-5401	2942	-840	-3425	-3059	-4991	656	248	-4706	-5245	-4509	-1239	-972	-3702	-2996	1011	3458	139		
-	-143	-501	232	42	-382	399	105	-627	212	-467	-721	277	393	44	95	358	116	-370	-295	-245			
-	-42	-5149	-11527	-2670	-247	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
105	-8252	-7162	-8163	-8550	-8738	-3865	-7830	-9779	-8750	-9145	-9067	-8451	-7614	-8612	-8165	-8693	-8516	-9303	-7448	-8752	147		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-149	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
106	-3611	276	1704	-4311	-6496	-1350	-4820	-6315	-4922	-8428	-5526	2043	-793	-4557	-5305	512	2842	-5291	-6593	-6141	148		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-149	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
107	-503	-4051	8	1036	-574	-2005	-2265	-1878	1377	260	2254	832	-3697	-1811	1077	-1552	93	-3663	737	-3574	149		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-149	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
108	1612	-4106	1904	1843	-4427	-858	-2263	-4178	1378	-659	-4122	-695	-1031	-3697	1321	-2354	-197	-943	-3728	-4289	-3606	150	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-149	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
109	11	-4538	3047	1602	-4847	-3855	-2619	-4610	-288	-1877	-3642	-2482	-4021	1329	-2794	-2886	267	-4156	-4718	-4008	151		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
110	-2036	1220	-7421	-6835	3516	-6860	-5376	-2914	-6508	2094	660	-6481	-6457	-5667	-6141	-6041	-5012	-3551	403	-4244	152		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
111	-851	-4088	921	828	349	-3602	-2260	-604	2159	-989	-3179	-2240	-3695	1839	1456	-2510	-2566	-3708	-4273	-3595	153		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		

112	564	-4093	406	1072	-4414	-3593	231	-4165	466	-4109	-3182	1180	-3687	1276	947	1015	790	-3715	-4276	-3593	154
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	-7602	2757	3310	-7863	-7137	-6322	-7056	-7412	-5820	-1221	-5316	-5560	155
113	251	-5382	-8381	-7805	-3477	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-149	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
114	-305	1484	-5265	-4631	-2702	-4472	-3348	2502	-4229	-612	1448	-4118	-4520	-3853	-1047	-966	-987	2286	-3212	-2869	156
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
115	884	-4092	1870	-634	-4414	-786	843	-4164	304	-4108	-3182	505	-3686	896	434	1104	225	-1701	-4276	-3593	157
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
116	1572	-4092	-316	1390	-4413	-3593	-2252	-4164	1260	-1864	-3181	-565	-3686	-20	1256	-11	240	-709	-4275	-3593	158
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
117	2346	3387	-5358	-4725	741	-4568	-3442	-753	-4323	731	1479	-4215	-4607	-3938	-4122	-3656	-120	-1125	-3290	-2956	159
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
118	-2653	-4128	-124	-729	-778	-1262	-4466	-4200	1226	-4143	-3218	354	-3715	446	-370	-1338	-2693	-3750	-4310	-3626	160
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
119	1456	-4094	122	1669	-4415	-398	-2253	-4166	901	-4110	-462	905	-3687	1166	-743	607	-2560	-3716	-4277	-3594	161
-	-149	-500	235	43	-381	398	106	-626	210	-466	-721	275	396	45	96	359	117	-369	-295	-250	
-	-35	-5386	-11527	-985	-1015	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
120	905	-3975	-3344	-2721	-4151	-4168	-455	-3757	1571	72	-3119	1224	-4233	-2376	2466	-3147	-3042	-301	-4211	1099	164
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	396	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
121	-4722	-6205	1052	-3086	-7197	3376	-4350	-7191	-4837	-7077	-6482	1612	-5315	-4063	-5831	-2007	-4937	-6437	-7269	-6213	165
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
122	-4922	-4389	-7600	-7267	-4589	-7480	-7387	3162	-7240	-1180	3054	-7139	-7096	-6988	-7325	-6879	-4901	1873	-6437	-6132	166
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
123	362	-4119	-1060	-1952	-4444	-3625	-196	-4190	3130	-1561	-3209	-437	-3717	274	1372	-1594	-2591	-3743	-4297	-879	167
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
124	-2157	1226	-6830	-6365	-616	-6361	-5646	2243	-6139	479	-3205	-6010	-6258	-5902	-6093	-5571	-1543	2891	-5359	-4952	168
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
125	-4973	-4556	-7390	-6825	-605	-6889	-5739	2833	-6544	187	2572	-6548	-6505	-5815	-6253	-6091	-4885	927	-4941	2516	169
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
126	790	-2711	-5231	-4995	719	-745	-3305	-173	-4190	1545	2374	-4079	-4482	-3812	-3990	-3618	-868	1788	-3169	-178	170
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	

127	-8466	-7310	4232	-7396	-8700	-7098	-7495	-8307	-9096	-9042	-7636	-7557	-7951	-8076	-8688	-8607	-9400	-7444	-8581	171	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	665	-213	-4072	-4476	-3806	-3983	-1769	-1213	2047	-3163	-324
128	1130	-2705	-5224	-4588	2004	-410	-3297	574	-4183	180	-2044	-475	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	6853	-6944	-6970	-7177	-6521	-1808	3649	-6001	-6084	173	
129	-202	-4206	-7392	-7072	-4907	-7157	-7171	452	-7025	-944	-3609	-6853	-6944	-6970	-7177	-6521	-1808	3649	-6001	-6084	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	885	-909	-101	-2203	-3835	-4013	-3541	-400	1465	-3192	
130	-1570	-2728	-5251	-4616	2039	-4455	-3328	1709	-4212	-8487	-9057	-8951	4459	-7552	-8282	-8070	-8424	-8336	-9174	-7395	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	908	-101	-2203	-3835	-4013	-3541	-400	1465	-3192	427	
131	-8077	-7138	-7637	-8023	-8516	-7075	-7642	-9658	-8487	-9057	-8951	4459	-7552	-8282	-8070	-8424	-8336	-9174	-7395	-8424	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	984	-101	-2203	-3835	-4013	-3541	-400	1465	-3192	427	
132	-8777	-7286	-8125	-8503	-8089	-7246	-5476	-9783	-8678	-9076	-8509	-7663	-8576	-8145	-9272	-8931	-993	-7256	-7887	176	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	984	-101	-2203	-3835	-4013	-3541	-400	1465	-3192	427	
133	-2889	2001	-4429	-3820	-2867	-4315	-3121	-831	117	-2749	3125	-3660	-4375	-3300	55	996	2538	-2318	-3326	-30	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-82	-10485	-4194	-884	-1115	-701	-1378	*	*	*	984	-101	-2203	-3835	-4013	-3541	-400	1465	-3192	427	
134	1475	-4014	-6380	-6598	-6579	1671	-5822	-6377	-6284	-6626	96	230	-5088	-5833	-6089	-2399	828	-5159	-6797	-6703	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-2	-10404	-11446	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	984	-101	-2203	-3835	-4013	-3541	-400	1465	-3192	427	
135	293	1078	1810	-245	-4380	493	-2259	-4123	-1843	-4081	-3161	-505	954	-1802	-1802	-643	621	742	-1825	140	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	984	-101	-2203	-3835	-4013	-3541	-400	1465	-3192	427	
136	1323	-4092	1113	1711	450	746	-2252	-4164	-625	-4108	-3181	366	-3686	-7	-903	74	-1029	-1325	-4275	-3593	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-32	-10485	-4194	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	984	-101	-2203	-3835	-4013	-3541	-400	1465	-3192	427	
137	-1462	-108	1337	-1115	89	3017	-4133	-691	-2342	-3166	437	-3690	385	-2346	1029	-91	-1321	-4263	560		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-167	-10404	-3204	-894	-1115	-2010	-412	*	*	*	984	-101	-2203	-3835	-4013	-3541	-400	1465	-3192	427	
138	1341	-3956	208	1481	-1210	685	-2203	-907	-923	-1650	-3053	-846	1318	-1753	-1129	-287	-699	-799	949		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-167	-10404	-3204	-894	-1115	-2010	-412	*	*	*	984	-101	-2203	-3835	-4013	-3541	-400	1465	-3192	427	
139	459	-3868	-497	-1713	-4183	180	-2044	-3930	216	-3892	-2959	356	-480	-1587	887	-3487	4543	1218	183		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1744	-10239	-513	-894	-1115	-3097	-179	*	*	*	984	-101	-2203	-3835	-4013	-3541	-400	1465	-3192	427	
140	50	-2754	884	2171	-3064	1269	-892	-2816	-510	-2766	-1855	-805	-2307	-443	864	-1150	-1225	-2372	-2942	750	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-475	-8501	-1848	-894	-1115	-5116	-42	*	*	*	984	-101	-2203	-3835	-4013	-3541	-400	1465	-3192	427	
141	1353	-2588	1260	1130	-2871	-1952	-748	-2615	-426	-2593	2728	1416	-2136	-318	-960	-1014	-1103	-2193	-2795	-2097	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-8	-8034	-9077	-894	-1115	-5240	-39	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	

-142	-863	-2043	1060	-277	309	-555	640	1106	-2011	-1164	-564	-1971	1549	-670	-805	1220	-2296	-1686	186		
-	-149	-502	232	43	-379	399	103	-629	210	-462	-723	273	391	46	97	359	117	-372	-297	-231	
-	-3199	-370	-3094	-1784	-495	-825	-1200	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	-259	-2606	-2253
-	143	491	-2153	235	-3609	3508	-3761	-2613	-133	-3285	-666	-1354	-185	-2979	-3220	-417	-141	-369	117	-294	-249
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	117	-294	-249
-	-2	-9798	-10840	-894	-1115	-1601	-577	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
-	144	-258	-3708	906	-613	-448	-3216	-1875	93	973	-3723	-2798	436	-770	2002	-91	459	-72	225	-3893	21
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	117	-294	-249
-	-2	-10042	-11084	-894	-1115	-2093	-385	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
-	145	-375	-3789	737	1980	-4108	-251	-1951	-293	784	-3804	-2878	-1928	1280	-1492	1139	-219	-2257	-688	-3973	-3291
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	117	-294	-249
-	-2	-10133	-11175	-894	-1115	-2093	-385	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
-	146	480	-2652	527	-3784	-431	222	279	180	-3505	-2487	-1830	-3562	-4203	-3244	-3329	1858	622	1238	-3077	885
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	117	-294	-249
-	-2	-10298	-11340	-894	-1115	-3484	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
-	147	66	-3328	-871	-911	814	289	-299	-672	-1401	-140	-2491	1631	-3976	-2359	959	-2853	603	454	215	1373
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	117	-294	-249
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
-	148	735	-4092	-1124	486	-4413	652	-236	-4164	1639	-1722	628	-242	-297	265	-727	1141	-898	-1243	-4275	-3593
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	117	-294	-249
-	-201	-10485	-2953	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
-	149	-456	-3914	1012	1114	-706	-460	-49	-3982	857	-788	-3004	1137	-711	-1622	-2170	1401	-2387	-486	-4099	-6
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	117	-294	-249
-	-2	-10286	-11328	-894	-1115	-307	-2384	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
-	150	606	-4057	257	-1902	-429	1035	-2233	-1749	1549	-1180	-3148	924	-639	-614	-1007	699	-297	-3676	-4244	763
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	117	-294	-249
-	-2	-10459	-11501	-894	-1115	-1265	-776	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
-	151	-673	-34	1484	597	-1161	1273	-2230	-4136	447	-1755	-3156	-5	-3665	-1771	1407	-320	48	-3688	-4251	1094
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	117	-294	-249
-	-106	-10015	-3849	-894	-1115	-3799	-108	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
-	152	199	-3692	162	-47	-4013	-384	-1851	-3764	-225	-1337	-2781	2037	1163	852	-174	975	231	-3314	-3875	-3192
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	117	-294	-249
-	-106	-10015	-3849	-894	-1115	-3799	-108	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
-	153	-2161	-3339	-2140	-79	588	382	-1859	-3229	631	-389	-110	-1876	1995	979	-841	336	247	-452	-3592	151
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	117	-294	-249
-	-135	-8659	-3521	-894	-1115	-5073	-44	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
-	155	414	-1974	2293	-781	775	-2242	-940	-179	-674	-1901	-1123	861	-2327	-605	819	-1181	70	-6	-2296	-1766
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	117	-294	-249
-	156	-2293	-3722	-466	40	-4025	-3274	-1934	-10	877	-1250	-2816	1348	-3366	104	-2026	135	63	-3334	1226	3252
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	117	-294	-249
-	-2	-10099	-11141	-894	-1115	-225	-2793	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	

157	71	-4062	527	-350	-4383	1922	-2221	-4134	492	-4078	-3151	-972	457	-11	1582	374	-343	-3684	-4245	-3562	209							
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-							
-	-2	-10448	-11480	-894	-1115	-375	-2128	*	*	*	*	546	-4104	-3178	894	-3687	1057	-2341	-152	-92	-1229	-4273	-3591	210				
158	-360	-4089	2756	-254	-716	-1568	-2253	-244	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-							
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-							
-	-71	-10485	-4400	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	404	-2566	-1920	-3930	-4423	-3847	-3866	-3446	-1205	-2136	3651	3644	211				
159	-2856	579	-1074	-4338	1305	-253	-623	496	-	*	*	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-				
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-							
-	-40	-10415	-5247	-894	-1115	-1890	-454	*	*	*	*	4021	-85	-3982	48	107	-940	1070	-131	-716	374	-1763	392	3076	212			
160	-540	1605	-1061	-671	939	-3567	288	-	*	*	*	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-				
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-							
-	-2	-10377	-11419	-894	-1115	-2284	-337	*	*	*	*	1082	-2368	-1454	-551	505	-114	1041	-819	-870	-1974	-2552	-1882	214				
161	-1573	581	693	-3797	960	-1395	1129	2092	-	*	*	210	-467	-721	275	393	48	95	358	117	-370	-295	-250	-				
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-							
-	-2181	-10377	-361	-894	-1115	-2284	-337	*	*	*	*	2773	-91	-2102	-3944	-4583	-3265	811	-3721	-3190	-2563	5731	-2477	216				
162	591	-2360	-791	1402	867	352	-568	-2402	1092	-	*	209	-467	-722	274	392	44	102	358	124	-371	-296	-246	-				
-	-144	-500	232	44	-381	399	105	-627	210	-467	-721	275	393	48	95	358	117	-369	-294	-249	-							
-	-3368	-539	-2219	33	-5471	-1006	-994	*	*	*	*	932	-1045	-2437	-1571	-720	-1136	1608	-579	-1878	-2946	-3540	-2876	221				
-	-3247	-3172	-5235	-4382	-2478	-573	-3019	-722	-	*	*	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-				
163	-	-150	-501	234	42	-375	397	110	-628	209	-	209	-467	-722	274	392	44	102	358	124	-371	-296	-246	-				
-	-397	-2618	-3668	-1648	-554	-2653	-250	*	*	*	*	141	-3496	-2571	-230	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-			
164	-660	-3339	-426	-1266	2742	387	1304	-3361	-	*	*	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-				
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-							
-	-288	-9660	-2475	-894	-1115	-1807	-485	*	*	*	*	200	-3361	-2471	-1673	1374	-1239	-101	-749	-197	-2961	-3580	-2933	223				
165	-2004	-3480	1563	403	-76	-299	1157	-3551	141	-	*	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-				
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-							
-	-3	-9688	-10730	-894	-1115	-3554	-128	*	*	*	*	367	1980	-2323	-1548	-1474	-2771	-1054	1463	326	-1519	559	2038	396	224			
166	-569	-3357	-1920	-293	-3638	2536	-1680	736	-	*	*	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-				
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-							
-	-606	-9729	-1569	-894	-1115	-4287	-75	*	*	*	*	17	295	441	-1144	-1261	-2512	-848	266	-18	-1228	-39	1726	583	225			
167	-1580	-2399	277	-1234	-82	-690	-1385	-	*	*	*	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-				
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-							
-	-285	-8707	-2500	-894	-1115	-5043	-44	*	*	*	*	611	-2497	-1644	-1424	-2322	-531	-1111	1631	-1202	-44	-2759	1930	226				
168	-1243	-2465	528	-585	-2734	991	-943	-2438	-	*	*	210	-466	-721	275	394	45	96	359	117	-369	-295	-250	-				
-	-149	-500	233	43	-376	400	105	-626	210	-466	-721	276	393	44	95	358	116	-370	-295	-250	-							
-	-554	-2243	-3213	-87	-4100	-5139	-42	*	*	*	*	253	-2806	-1887	385	1812	1242	-1078	-146	735	-2411	-2985	934	230				
169	-1042	-2476	1476	677	476	-1980	-672	-2514	-280	-	*	2156	304	-223	-792	578	-984	-2086	-2670	878	-	228						
-	-147	-501	234	47	-377	399	105	-627	210	-467	-721	276	393	44	95	358	116	-370	-295	-250	-							
-	-1964	-430	-9308	-29	-5634	-2693	-262	*	*	*	*	708	253	-2328	1428	708	-2806	-1887	385	1812	1242	-1078	-146	735	-2411	-2985	934	230
171	-1350	-2795	-1208	579	-3104	-381	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-	-					
-	-149	-500	233	43	-381	399	105	-627	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-							
-	-163	-8878	-3259	-894	-1115	-1580	-587	*	*	*	*	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-					

172	545	-3282	-343	277	-3601	-1448	-342	-123	-1030	-2372	209	-2882	1554	84	-1696	-1754	-2903	-3467	-2785	231	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-3	-9510	-10552	-894	-1115	-729	-1333	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
-	173	274	-3822	826	-190	-796	1173	-1982	-3893	86	-3838	-2911	2270	-1235	-364	-2070	-54	776	-604	-4005	-3323
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-2	-10171	-11213	-894	-1115	-804	-1227	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
-	174	-2513	1292	212	-964	108	58	-204	-3970	-813	425	-3029	68	1475	-215	510	-1474	182	-1248	-4130	2118
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-2	-10357	-11399	-894	-1115	-543	-1673	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
-	175	-416	-4012	932	231	959	-3576	662	72	-267	-909	-440	-720	-3669	396	-221	602	685	-1669	-4209	1883
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-2	-10450	-11492	-894	-1115	-382	-2104	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
-	176	-1215	-4092	757	-28	-512	-1236	1865	-4163	-668	-4107	-3181	1312	1610	717	-2340	1339	-277	-721	297	-3592
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
-	177	87	-451	1936	-199	-4411	-955	-2252	-1208	293	-2357	-3180	-74	2452	-319	-161	-313	-2558	-3713	845	-3592
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-72	-10485	-4386	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
-	178	-145	1548	-3390	-2796	1809	439	-2689	-2692	-218	-154	-2265	1208	-1550	-985	-2982	856	1668	-2547	481	-4
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-2	-10415	-11457	-894	-1115	-1898	-451	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
-	179	-122	1368	1509	-1860	-4342	96	52	-265	-105	-4039	-3114	2707	94	-656	-349	-2440	-261	-3645	-4209	-203
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-42	-10415	-5163	-894	-1115	-1898	-451	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
-	180	-2642	-3153	-1026	-1101	1324	-1900	32	-1152	677	-745	784	-410	-3922	-2357	-2825	-687	-2582	-2623	4896	1322
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-2	-10374	-11416	-894	-1115	-2289	-330	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
-	181	-2526	290	89	488	-4278	1000	1233	922	665	-1018	-3082	1359	-3597	-1708	776	-30	-2465	-805	-4160	232
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-333	-10374	-2283	-894	-1115	-2289	-330	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
-	182	-486	-3710	307	-1543	1206	240	1404	-3778	-220	-3725	-2800	-183	554	-233	-475	1714	-951	-3331	1938	-108
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1263	-10043	-780	-894	-1115	-3733	-113	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
-	183	-1728	-2015	-2481	-1929	867	-374	3226	-1618	374	-113	-1203	1516	-3040	-1614	-2041	1971	-1666	-1490	2626	1901
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1036	-8785	-971	-894	-1115	-5012	-45	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
-	184	-1792	2872	-2132	-1434	-2813	-2585	3935	-2650	2194	-2624	-1910	-1481	-2710	-700	-125	-1793	-1706	-2378	-2606	-2177
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-10	-7758	-8800	-894	-1115	-5292	-37	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
-	185	-1177	2374	-3256	-2703	3010	-2639	2355	-451	-2327	-789	-222	-2183	-2704	-1948	-2179	-1740	-1131	1288	-914	-197
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-10	-7758	-8800	-894	-1115	-3526	-131	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
-	186	-1135	-2630	1948	-304	-2942	-1997	1333	-2701	768	-2643	-1732	1169	818	-289	-889	1444	-1083	-2249	-2813	-2111
-	-150	-501	232	43	-379	402	105	-627	210	-467	-711	274	393	44	95	350	118	-370	-295	-250	
-	-3365	-343	-3129	-29	-5656	-4371	-71	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	

-187	71	-903	-3098	-2485	-875	30	-1413	2394	-2140	-763	-115	-2097	426	-1816	-2039	-1607	316	695	2758	-1021	247			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-			
-	-8	-8161	-9204	-894	-1115	-774	-1269	*	*	*	-184	366	-1824	-270	-3569	-2080	-2529	-721	296	-3039	1888	248		
-	188	-1031	2075	760	69	17	-3494	1783	405	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	*	*	*	-2048	-399	-2048	-399	-2048	-399	*	*	*	*	*	*	-	
-	-2	-8900	-10942	-894	-1115	-1667	-545	*	*	*	-2436	221	-2347	-2837	-106	-2639	-3773	-2242	775	407	-339	-2411	1221	
-	189	-2286	1049	-894	-184	2378	629	514	-3744	593	-1488	-2803	1385	-3360	-360	377	-1247	34	-1479	2959	-3234	249		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-			
-	-2	-10080	-11132	-894	-1115	-2048	-399	-2048	*	*	-2436	1605	-2436	-2347	-2837	-106	-2639	-3773	-2242	775	407	-339	-2411	1221
-	190	-12117	811	2503	-2484	-2988	-1605	-2436	*	*	-2347	221	-2347	-2837	-106	-2639	-3773	-2242	775	407	-339	-2411	1221	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-			
-	2	-10361	-11423	-894	-1115	-558	-1640	*	*	*	-2227	-4138	-4138	-571	-4083	-3196	998	988	-447	-2315	1892	1918	-1321	
-	192	-675	-4067	-740	-205	-4387	-679	-679	*	*	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-			
-	-2	-10456	-11498	-894	-1115	-414	-2003	*	*	*	-2003	-4160	-4160	-472	-2033	-1183	1953	-126	1413	877	-571	-1387	-1544	
-	193	947	-4090	1608	-1919	-4410	-1328	-2252	*	*	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	-3014	-2699	-2699	-1015	-2999	-2394	-3482	-116	-3116	-337	-3351	-2936	-285	
-	194	-2997	-3162	-128	-3498	1171	-1186	-3014	*	*	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	-3014	-2699	-2699	-1015	-2999	-2394	-3482	-116	-3116	-337	-3351	-2936	-285	
-	195	-2619	1393	-46	1043	-654	-353	946	-633	*	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-			
-	-61	-10485	-4628	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	196	-2602	-3745	2499	-2049	-644	-2634	-2309	-3617	*	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-149	-500	231	40	-371	404	105	-613	215	-470	-725	273	392	43	102	355	115	-373	-299	-247	-			
-	-2772	-2761	-502	-2375	-309	-1765	-503	*	*	*	-1283	-2387	-937	-2524	-1733	-1285	-2656	-925	1509	-1553	-1505	251	3157	
-	197	-1540	-2503	1918	-1033	-2697	1705	-1283	-2387	*	*	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-			
-	-2	-10448	-11490	-894	-1115	-375	-2128	*	*	*	-2136	-2868	-2868	-204	-3136	-2868	-1352	-3723	-1902	84	-179	22	-1164	
-	199	-461	-290	619	1991	117	681	-2279	-4015	*	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	-1378	-2387	-937	-2524	-1733	-1285	-2656	-925	1509	-1553	-1505	251	3157	
-	198	-23	1340	2073	-120	-843	-3569	888	-636	-151	-1214	-3123	1018	-3662	-1774	392	28	501	359	117	-369	-294	-249	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	-1378	-2387	-937	-2524	-1733	-1285	-2656	-925	1509	-1553	-1505	251	3157	
-	199	-461	-290	619	1991	117	681	-2279	-4015	*	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	-1378	-2387	-937	-2524	-1733	-1285	-2656	-925	1509	-1553	-1505	251	3157	
-	200	-715	-4068	669	1304	678	-3599	297	-1256	241	-1157	-458	1822	-3692	787	-979	-1397	537	-1719	1920	-456	272		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-			
-	-372	-10485	-2142	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	-1378	-2387	-937	-2524	-1733	-1285	-2656	-925	1509	-1553	-1505	251	3157	

202	-1167	1430	-92	-4085	1000	-1937	744	-370	-1505	-2857	-799	-3371	2171	-20	-727	-2242	-3387	2596	-82	274		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-296	-10115	-2438	-894	-1115	-3540	-130	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	203	-923	-3533	351	1521	-174	-647	604	-3605	-128	-3549	-2622	1763	-3126	1841	-106	-427	903	-3155	-3716	-3033	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-756	-9821	-1297	-894	-1115	-2698	-241	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	204	-1724	-2850	301	742	1449	-339	-1422	-2710	-1096	-624	-1979	399	-2828	-1027	-1560	-103	-1666	-2402	-3095	3340	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-149	-4	-9215	-10257	-894	-1115	-2884	-198	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	205	-468	1610	-19	-4425	2001	-615	-2413	-2723	-4132	-2869	-2368	895	-4637	-3667	-4029	-3714	-3264	-2664	1981	3892	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-190	-9401	-3038	-894	-1115	-2877	-211	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	206	-2272	-2368	-3736	-3458	-2327	1779	-2737	-2113	-3311	-2182	-1785	133	-3786	-3050	-3320	-2695	807	-1983	-2837	1349	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-181	-9392	-3102	-894	-1115	-3606	-124	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	207	-379	-3074	896	-979	-3371	379	3695	-3105	-894	-3080	-2170	989	-2735	-852	307	-1551	142	-2684	1764	545	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-149	-3	-9296	-10338	-894	-1115	-653	-158	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	208	-98	2770	198	-891	-987	-15	-429	-3536	-280	-508	-404	-2045	-758	1464	-285	-2285	18	-1520	-3845	1525	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-2	-10156	-11198	-894	-1115	-691	-1394	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	209	-494	-3983	1162	689	2729	627	-2163	-4043	-1747	-3997	-3075	1162	-3596	-1705	-60	57	-512	-1245	-4172	-3493	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-2	-10369	-11411	-894	-1115	-655	-1454	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	210	-190	-222	222	-1870	962	-1463	-307	-641	-1194	1539	311	-3876	-4392	-1052	-3814	-103	-585	456	1616	1529	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-2	-10445	-11487	-894	-1115	-1507	-626	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	211	643	-3274	580	-1132	981	-423	-2591	-1324	992	-154	-2439	-659	-659	-2344	-2823	-138	-2632	1464	387	933	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-2	-10445	-11487	-894	-1115	-1507	-626	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	212	-19	-4057	510	431	-699	1974	-2216	-4129	639	-4073	757	-564	-3651	16	176	1016	-699	-3679	-4240	-3558	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-2	-10445	-11487	-894	-1115	-1507	-626	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	213	-355	-3235	-5099	-1194	-297	-4831	-3651	-2497	-4185	2474	2254	-4298	-4853	2186	-4129	-3927	-3287	-2567	-3603	423	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-2	-10445	-11487	-894	-1115	-1507	-626	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	214	1739	-3082	-182	-3038	-3102	-1439	-2838	-922	-2878	-1755	-2270	-3124	3169	-2744	-1266	-450	-2728	-1518	-3492	284	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-1507	-626	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	215	-4651	464	3855	-3094	-6927	-4206	-6772	710	-6721	-6082	256	-5270	-3898	-4984	-4424	-4816	-1142	-6886	-5983	287	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-1507	-626	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	216	-5461	-4986	-7698	-7163	1022	-7248	-5463	1643	-6862	2782	-2327	-6796	-6720	275	394	45	96	359	117	-369	-294
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-1507	-626	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		

217	-1455	-1071	2159	-1998	-4380	-1778	-2266	-1255	495	-4082	-440	3227	-3699	-1810	-517	-651	-2568	-3687	797	-3587	289
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
218	-2968	-2760	-5076	-4455	-19	-4433	2308	-2256	-4087	-71	-193	-4017	-955	885	-3946	-1878	2462	-2176	3158	2080	290
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
219	-858	-1092	844	2089	-4413	396	-2251	-1840	-158	-116	-3181	619	-3686	723	545	-490	-536	-3714	-4275	-264	291
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-2	-10400	-11442	-894	-1115	-235	-2731	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
220	-2590	-432	-492	-988	-4379	-3554	1588	-4127	-279	-4072	54	3577	-3651	-1757	-653	839	-2529	-3680	-4239	-3559	292
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
222	260	-4092	726	1607	-4412	-513	-2252	-4163	92	-2472	-413	-306	-1618	771	-1255	-13	188	257	-4275	1832	294
-	-147	-502	234	43	-383	397	103	-625	209	-466	-723	280	393	43	93	360	116	-366	-281	-246	
-	-236	-3650	-3805	-2588	-262	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
223	44	1317	-6066	-5505	1402	-5405	-4429	230	-5173	-839	-2606	-5054	-5394	-4849	-5031	-4538	-445	3184	-4243	-3877	304
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-2	-10378	-11420	-894	-1115	-623	-1511	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
224	65	-2865	-4164	-3574	-2846	-4213	-3013	614	-1463	-2725	460	-3487	-4274	2287	2202	-714	-2751	1420	-3297	1201	305
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-2	-10450	-11492	-894	-1115	-384	-2097	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
225	-651	-4093	1469	319	-4414	-125	-2252	-992	1025	-4109	-3182	1775	-3686	1796	695	210	-1255	-3715	-4276	-3593	306
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
226	338	-4091	-1137	2053	-4412	-1356	-1269	-4162	366	-1668	113	354	-3686	679	408	-2500	-519	-587	-4275	1757	307
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
227	-1262	-2706	-1848	-4573	971	-4423	-3293	2094	-1151	939	2195	-273	-4473	-826	-3976	-3507	-1544	517	417	1633	308
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
228	866	-3111	-3504	-1085	-496	-4035	-2787	-228	1468	680	245	-1261	-1626	-1024	-237	-679	-463	149	-3509	2186	309
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
229	-60	-4091	2196	907	-4411	-1776	-2252	-1262	1126	-996	-3180	1611	-3686	-1792	309	-1480	88	-3713	-4275	-357	310
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-601	-10485	-1557	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
230	130	-3300	320	1169	473	-864	-1863	-3174	-1511	-3265	-2425	-1883	-3276	-1457	-1991	670	-325	-2858	4062	2148	311
-	-147	-501	234	44	-381	398	111	-627	212	-467	-721	275	393	44	95	360	116	-370	-295	-250	
-	-116	-3705	-10329	-1545	-606	-55	-4734	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
231	880	-2705	-5219	-1393	-497	-146	-3297	1273	-4179	1109	2050	-4070	-4475	-3803	-3981	-319	-956	1575	-3163	-2821	315
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	

232	727	-57	-1515	-3685	-2832	-68	-3067	1080	799	359	1459	1063	-4314	-3227	-1673	-82	-1530	871	-3293	-301	316								
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-								
-	-25	-10485	-5900	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	1820	-4088	-3161	77	-3665	415	805	-1371	-33	-3694	3083	-3572	317					
233	-345	-4072	1466	25	-4393	-131	1145	-4144	1820	-628	209	-665	-722	274	395	44	97	358	121	-371	-296	-240	-						
-	-150	-501	234	42	-382	399	104	-628	191	-446	-1911	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	-						
-	-40	-5208	-11503	-3012	-191	*	*	*	*	*	*	1098	-2384	-4390	1748	408	-4253	-4674	-3991	-113	-3721	-3037	-908	-3157	2811	327			
234	-3098	557	-5412	-4796	2467	-4633	1098	-2384	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-						
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	115	-381	1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	-						
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	119	-429	-1971	-3201	-3847	-1655	858	446	-4464	-1018	73	-3489	-1348	621	5347	-2874	328	
235	-440	-2770	-4991	-4354	-2731	-4413	-3255	134	119	-429	-1971	-3201	-3847	-1655	-3962	-4464	-1240	-1731	15	-797	-383	-3212	-256	-249	-				
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-	-	-	-	-	-	-		
-	-352	-10485	-2213	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	1953	-3862	532	-740	381	1728	-3388	-1494	1351	-730	-2260	-3414	841	-3293	330	-		
237	-2321	-3792	2018	1012	-4112	4	-1953	-3862	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-						
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	115	-381	1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	-	-	-	-	-	-
-	-92	-10135	-4037	-894	-1115	-1267	-775	*	*	*	*	1082	-3915	1250	-2157	458	-1981	-495	607	655	-2252	491	-3466	1014	1304	331	-		
238	-250	-3844	749	681	-4165	569	-1953	-3862	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-						
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	115	-381	1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	-
-	-500	-10197	-1775	-894	-1115	-3286	-168	*	*	*	*	1082	-3915	1250	-2157	458	-1981	-495	607	655	-2252	491	-3466	1014	1304	331	-		
239	-2222	-2815	-28	-2116	41	3002	-2197	-2568	-2074	-2812	-2078	-563	-315	-1959	-2465	-200	-2200	-465	1650	-2767	332	-							
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-	-	-	-	-	-	-		
-	-2227	-9699	-349	-894	-1115	-4336	-73	*	*	*	*	1082	-3915	1250	-2157	458	-1981	-495	607	655	-2252	491	-3466	1014	1304	331	-		
-	-240	-690	-1030	-1347	667	-1112	-1526	-735	-536	-770	-926	-2421	-983	-2034	-651	-1069	-950	-950	-658	1348	-1510	-1082	333	-					
-	-149	-500	234	45	-381	398	105	-627	211	-465	-721	276	393	48	98	359	117	-370	-295	-250	-	-	-	-	-	-	-		
-	-2648	-650	-2300	-749	-1304	-3702	-115	*	*	*	*	1082	-3915	1250	-2157	458	-1981	-495	607	655	-2252	491	-3466	1014	1304	331	-		
241	-1684	-3381	2298	2247	-3628	-1975	-1105	-3463	-1067	-3374	-2571	1229	-2376	-724	-1746	-1436	1284	-2978	-3559	-2700	336	-							
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-	-	-	-	-	-	-		
-	-265	-7722	-2618	-894	-1115	-1665	-547	*	*	*	*	1082	-3915	1250	-2157	458	-1981	-495	607	655	-2252	491	-3466	1014	1304	331	-		
242	-498	-1527	-664	-3408	1644	-3248	-2119	1205	-3003	1436	1589	-2893	-3297	-2626	-2804	-2332	-1641	927	2073	992	337	-							
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-	-	-	-	-	-	-		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-	-	-	-	-	-	-		
-	-149	-4	-9095	-10137	-894	-1115	-3824	-106	*	*	*	*	1082	-3915	1250	-2157	458	-1981	-495	607	655	-2252	491	-3466	1014	1304	331	-	
-	-243	-241	-4561	1267	-1550	-5048	2995	-2504	-4899	-2536	-4814	-4030	545	-3695	1178	-3239	-874	-3044	4358	5001	-4130	338	-						
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-	-	-	-	-	-	-		
-	-36	-10450	-5378	-894	-1115	-1420	-675	*	*	*	*	1082	-3915	1250	-2157	458	-1981	-495	607	655	-2252	491	-3466	1014	1304	331	-		
244	707	529	-5359	-4732	-4578	76	2402	-4335	-790	-262	-4224	-4619	-3963	-4141	-3668	-2943	2418	-3322	-2979	339	-								
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-	-	-	-	-	-	-		
-	-149	-2	-10415	-11458	-894	-1115	-267	-2564	*	*	*	*	1082	-3915	1250	-2157	458	-1981	-495	607	655	-2252	491	-3466	1014	1304	331	-	
246	-882	-4791	-7040	-7394	-6930	3753	-6508	-7307	-7247	-7441	-6597	-5861	-6872	-6771	-6872	-4737	-6054	933	-6891	933	-6891	341	-						
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-	-	-	-	-	-	-		
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	1082	-3915	1250	-2157	458	-1981	-495	607	655	-2252	491	-3466	1014	1304	331	-		

247	-6543	-5722	-7433	-7597	3802	-7222	-3668	494	-7173	255	-4495	-5988	-7055	-748	-6809	-6447	-6415	-5422	3771	92	342
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
248	-6705	-6597	-7597	-6711	-7409	-6618	-5618	-7674	-4419	-7152	33	-6439	-6902	-5393	4226	-6812	-6659	-7468	-6649	-6845	343
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
249	-5076	-4650	-7468	-6907	1609	-6991	-5653	2609	-1344	1676	2141	-6665	-6557	-5839	-6306	-6199	-4979	445	-4988	-4973	344
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
250	-7293	-7123	4192	-5905	-7868	-6589	-6618	-8745	-1114	-8114	-6217	-7106	-6709	-7576	-7234	-7475	-8427	-7251	-7548	345	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
251	2483	-2715	-5223	-4589	961	-4433	154	-752	-4186	-1198	-1919	-4078	-4484	-3812	-3990	-1105	1109	1651	-3176	-2833	346
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
252	2379	-2938	-5404	-2004	-2980	-1281	-3615	714	-4438	-289	193	-4299	-4697	-4079	-4268	-903	-3050	2448	-3509	-3164	347
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
253	-2633	-4104	-1140	-1930	-4426	-1114	195	-4175	3070	-2035	-3193	1385	362	-1802	351	-251	-866	-3726	-4286	-3605	348
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
254	-2885	-2752	-4977	201	73	530	4521	-2250	-4009	-482	1252	-3962	-4455	-3677	-3896	-1731	-2826	-727	-3185	141	349
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
255	-2968	-2788	-5317	-4683	-582	-1479	-3399	2480	-4281	4	2830	-4171	-988	-3900	-4081	-3612	-2908	1493	-3254	1837	350
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
256	502	-4092	1261	-53	263	-72	-2252	-4163	-166	-4108	-3181	-601	1215	-609	-740	1631	-2558	-3714	1322	641	351
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
257	411	-4077	-106	1023	584	-3997	1678	-1191	1718	-390	8	262	1013	-704	-2346	-1133	-1329	-3696	-4265	-940	352
-	-150	-501	236	43	-379	398	106	-623	209	-468	-722	274	396	44	96	360	116	-366	-296	-251	
-	-5669	-1702	-572	-15	-6554	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
-	-411	1839	2192	748	-3114	-2333	-996	-2857	-582	-2816	-1898	-973	1512	1354	242	-1244	-1299	-445	-2995	-2319	354
-	-146	-506	264	43	-375	397	100	-637	194	-479	-736	283	414	28	89	355	113	-372	-288	-222	
-	-2874	-213	-9917	-4062	-89	-4972	-47	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
259	-146	-2774	1429	-736	-3035	-2386	1075	242	-666	-2768	-1878	2745	-111	-622	569	-1317	-1357	-2372	-2877	1327	382
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-5	-8875	-9917	-894	-1115	-3296	-155	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
260	513	1170	-192	-1660	-2115	2157	-1598	778	-1527	-1987	-1252	1387	-2915	-1416	-1874	-1807	-99	-1536	-2462	897	383
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-4	-9078	-10121	-894	-1115	-85	-4123	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	
261	557	-4061	-56	474	-4382	1288	-175	-4132	-1802	-2004	-3150	-494	1458	382	-564	756	-301	-3683	796	988	384
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-2	-10450	-11492	-894	-1115	-384	-2097	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	

-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	385			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	-539	-326	1036	-4078	1050	-1922	-802	-4456	1084	-3927	-638	-1339	403	3926	595	
-	263	122	-2720	-1621	-4453	-1028	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	386	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	387			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	-539	-326	1036	-4078	1050	-1922	-802	-4456	1084	-3927	-638	-1339	403	3926	595	
-	264	-233	-4093	-707	-1918	-4414	-3594	2926	-4165	1899	-4109	-3182	-744	114	1144	1484	-362	548	-1876	-4276	-3593	387		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	388			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	-539	-326	1036	-4078	1050	-1922	-802	-4456	1084	-3927	-638	-1339	403	3926	595	
-	265	499	-4092	580	1661	-4413	-1745	436	708	417	-4108	-3181	205	-1007	934	-2339	753	-672	-258	-4275	-3593	388		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	389			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	-539	-326	1036	-4078	1050	-1922	-802	-4456	1084	-3927	-638	-1339	403	3926	595	
-	266	-2891	-2717	-5233	-4599	3037	-4438	-3300	752	-4194	142	283	-889	-4487	-1135	-3994	-1378	-2832	-1132	-3346	2415	389		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	390			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	-539	-326	1036	-4078	1050	-1922	-802	-4456	1084	-3927	-638	-1339	403	3926	595	
-	267	-503	-3183	-1037	-1492	-3218	-3985	813	306	55	370	2307	-1113	-1033	-2549	1152	-2960	1259	340	884	892	391		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	392			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	-539	-326	1036	-4078	1050	-1922	-802	-4456	1084	-3927	-638	-1339	403	3926	595	
-	268	-159	-4092	1289	912	-4413	-955	1047	-4164	313	-4108	-431	-380	-45	1806	-1132	850	246	-1172	-4276	-386	391		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	393			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	-539	-326	1036	-4078	1050	-1922	-802	-4456	1084	-3927	-638	-1339	403	3926	595	
-	269	1274	-4093	1238	1709	-4414	-1956	1673	-4165	1186	-4109	-3182	745	-3686	-736	397	-1517	-2558	-1728	-4276	-674	392		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	393			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	-539	-326	1036	-4078	1050	-1922	-802	-4456	1084	-3927	-638	-1339	403	3926	595	
-	270	407	-2709	-5213	-4578	-2664	-4428	-3299	1337	-4176	982	-2698	-4069	-20	294	-3881	-61	-775	1488	-3168	-2826	393		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	394			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	-539	-326	1036	-4078	1050	-1922	-802	-4456	1084	-3927	-638	-1339	403	3926	595	
-	271	85	-4092	262	-1918	-4414	199	975	-4164	1815	-4108	-3182	2049	361	-319	167	-1030	-407	-3714	-4276	1098	394		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	395			
-	-144	-10485	-3406	-894	-1115	-701	-1378	*	-539	-326	1036	-4078	1050	-1922	-802	-4456	1084	-3927	-638	-1339	403	3926	595	
-	272	1241	-3970	462	1296	-4291	-189	-2129	-4042	-267	-3986	-3059	1664	178	821	69	334	-577	-3592	-4153	-3470	395		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	396			
-	-144	-10485	-3406	-894	-1115	-701	-1378	*	-539	-326	1036	-4078	1050	-1922	-802	-4456	1084	-3927	-638	-1339	403	3926	595	
-	273	625	-2676	-1177	670	-171	85	-80	494	232	-329	-1859	-2778	-2399	45	96	359	117	-369	-294	-249	397		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	398			
-	-717	-9836	-1356	-894	-1115	-4142	-94	*	-538	-116	-3690	-115	1235	-326	890	829	-3575	-2174	-2598	443	794	938	-2008	-180
-	275	-80	-2978	1132	1325	1194	-2498	-1158	-3038	794	122	-2069	-1136	-50	-700	870	-265	-98	-2597	-3166	-2487	398		
-	-143	-506	231	44	-380	395	104	-628	221	-467	-713	277	393	41	93	356	114	-368	-264	-255	410			
-	-1944	-436	-10165	-1835	-475	-4841	-51	*	-538	-116	-3690	-115	1235	-326	890	829	-3575	-2174	-2598	443	794	938	-2008	-180
-	276	-356	-2494	1117	-163	-2635	1340	-1339	-366	-1043	-2432	785	-1402	-2734	-980	-1496	1458	735	305	-2800	-2250	410		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	411			
-	-4	-9123	-10165	-894	-1115	-2882	-210	*	-538	-116	-3690	-115	1235	-326	890	829	-3575	-2174	-2598	443	794	938	-2008	-180

277	-1905	-3358	239	-1142	-3665	1869	1510	-3416	-1072	-3364	-2456	-1452	597	1163	1325	-1780	-1846	-2980	-3528	2375	411						
-	-149	-500	233	43	-381	-1115	-972	-1028	*	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249					
-	-3	-9346	-10389	-894	-1115	-972	-1028	*	1641	-3719	-2792	-1839	1981	426	570	91	-2169	-3325	-3886	896	412						
278	-1093	-3703	369	430	-4024	-1118	890	-3775	*	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249					
-	-149	-500	233	43	-381	-1115	-950	-1052	*	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-2	-10028	-11070	-894	-1115	-950	-1052	*	1575	-1111	-505	-2074	-3981	326	-3927	-3001	430	1566	-1615	-2163	50	-2380	-1765	2039	-3413	413	
279	-976	-3912	1701	1575	-1111	-505	-2074	*	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249				
-	-149	-500	233	43	-381	-1115	-950	-1052	*	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-2	-10276	-11318	-894	-1115	-950	-1052	*	1166	-3269	893	-4079	448	1507	-4006	129	-3728	692	-364	215	1285	-3175	-2830	414			
280	429	71	-1863	-13222	834	-1115	-950	-1052	*	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-149	-500	233	43	-381	-1115	-950	-1052	*	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-950	-1052	*	1378	-1108	-505	-4136	-1048	4136	-1108	2103	-4042	-774	-3771	-3958	-3498	-2816	-1046	990	2512	415	
281	-781	-2711	-348	-907	3229	-4417	185	-1048	*	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-149	-500	233	43	-381	-1115	-950	-1052	*	1378	-1108	-505	-4136	-1048	4136	-1108	2103	-4042	-774	-3771	-3958	-3498	-2816	-1046	990	2512	415
-	-31	-10485	-5610	-894	-1115	-950	-1052	*	1378	-1108	-505	-4136	-1048	4136	-1108	2103	-4042	-774	-3771	-3958	-3498	-2816	-1046	990	2512	415	
282	-561	1323	-5796	-4560	109	-4398	-3270	1605	-4155	304	-1757	-1446	-4448	-643	-3955	-1828	1924	1040	1341	-208	416						
-	-149	-500	233	43	-381	-1115	-950	-1052	*	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-2	-10455	-11498	-894	-1115	-950	-1052	*	1115	-412	-2008	*	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
283	-2959	-2779	-5308	-4674	2352	-4516	-3390	-3390	*	290	-1723	239	207	-4162	-4560	-3892	-4072	-3602	-218	2596	-3246	1386	417				
-	-149	-500	233	43	-381	-1115	-950	-1052	*	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-950	-1052	*	1378	-1108	-505	-4136	-1048	4136	-1108	2103	-4042	-774	-3771	-3958	-3498	-2816	-1046	990	2512	415	
284	968	-6618	158	-1335	-6920	3180	-4075	-6860	*	1378	-1108	-505	-4136	-1048	4136	-1108	2103	-4042	-774	-3771	-3958	-3498	-2816	-1046	990	2512	415
-	-149	-500	233	43	-381	-1115	-950	-1052	*	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-950	-1052	*	1378	-1108	-505	-4136	-1048	4136	-1108	2103	-4042	-774	-3771	-3958	-3498	-2816	-1046	990	2512	415	
285	-5664	-7026	-3549	-3932	-7732	-5502	-5139	-8036	*	5596	-7778	-7325	-1213	-6088	-4906	-6414	-5553	-6009	-7450	-7315	-6874	419					
-	-149	-500	233	43	-381	-1115	-950	-1052	*	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-950	-1052	*	1378	-1108	-505	-4136	-1048	4136	-1108	2103	-4042	-774	-3771	-3958	-3498	-2816	-1046	990	2512	415	
286	-242	-2704	-5221	-4585	-167	-4425	101	-1435	-1866	-274	-1375	-1502	-862	-3804	-3981	-3509	-1307	2210	2926	1326	420						
-	-149	-500	233	43	-381	-1115	-950	-1052	*	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-950	-1052	*	1378	-1108	-505	-4136	-1048	4136	-1108	2103	-4042	-774	-3771	-3958	-3498	-2816	-1046	990	2512	415	
287	-1781	-2711	-1661	-4530	1589	-1110	-349	1399	-4138	-298	-1913	-4043	-1510	-3772	-750	-532	-2816	-795	4640	1422	421						
-	-149	-500	233	43	-381	-1115	-950	-1052	*	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-950	-1052	*	1378	-1108	-505	-4136	-1048	4136	-1108	2103	-4042	-774	-3771	-3958	-3498	-2816	-1046	990	2512	415	
288	162	-4088	1418	-714	-4408	1367	-2467	-1843	205	-758	-3178	-1104	-3687	1361	-2341	175	-841	-1726	-4273	-915	422						
-	-149	-500	233	43	-381	-1115	-950	-1052	*	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-2847	-10485	-217	-894	-1115	-701	-1378	*	1378	-1108	-505	-4136	-1048	4136	-1108	2103	-4042	-774	-3771	-3958	-3498	-2816	-1046	990	2512	415	
289	-732	-1200	-2291	-1892	-2006	1184	-1642	1572	-1739	-1880	-1160	-1621	-2261	-1561	-1945	1858	1564	-1213	-2374	-1999	423						
-	-148	-503	235	42	-383	402	103	-627	211	-468	-718	-278	395	44	93	358	115	-372	-297	-237							
-	-518	-1741	-8690	-3476	-136	-4178	1819	-2025	-3928	-1606	-1941	-166	712	-3459	1765	-1027	-635	580	359	117	-369	-294	-249				
290	588	-3859	1096	-225	-4178	1819	-2025	-3928	-1606	-1941	-166	712	-3459	1765	-1027	-635	580	359	117	-369	-294	-249					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	93	358	115	-372	-297	-237							
-	-86	-10220	-4136	-894	-1115	-3177	-169	*	1378	-1108	-505	-4136	-1048	4136	-1108	2103	-4042	-774	-3771	-3958	-3498	-2816	-1046	990	2512	415	
291	1059	-3794	1830	-152	-4111	1065	-1989	-3859	-1553	-1911	-2887	1208	141	-1511	-2060	518	446	-1623	-3983	-3302	437						
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249							
-	-2561	-10136	-269	-894	-1115	-1346	*	1378	-1108	-505	-4136	-1048	4136	-1108	2103	-4042	-774	-3771	-3958	-3498	-2816	-1046	990	2512	415		

-	-149	-500	232	43	-381	401	112	-627	210	-467	-721	277	393	46	95	359	117	-370	-295	-250
-	-2750	-236	-8628	-41	-5171	-3546	-129	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	440
292	2610	-1342	-2763	-2644	-3503	678	-2484	-3255	-2594	-3468	-2570	-1940	1729	-2326	-2723	888	-1095	-2280	-3694	-3427
-	-149	-500	232	43	-5171	-3546	-129	-1496	-753	473	-976	-1123	-2267	-730	2059	773	1741	-1268	-2155	-1683
293	136	-1631	-1527	-976	-1899	-2091	-1003	-1496	-753	473	-976	-1123	-2267	-730	2059	773	1741	-1268	-2155	-1683
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-8	-8060	-9122	-894	-1115	-68	-4437	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	441
294	-1186	-4051	1864	-401	-4367	1750	1129	-4115	-1805	-1498	-531	719	-1394	238	-2311	105	645	-940	-4237	-642
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-203	-10326	-2940	-894	-1115	-1827	-478	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	442
296	611	-2883	1048	-416	-2916	-1167	1492	-325	-2390	448	-2058	-2673	610	-2278	25	-2681	-266	512	2653	960
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
295	272	-3956	702	-2234	-4277	227	-2115	-4027	-957	-1001	-3045	-3	557	-604	-561	575	-12	-3578	-4139	-3456
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-2	-10157	-11199	-894	-1115	-2297	-328	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	443
297	801	1079	-172	312	-880	-3954	-2752	341	149	668	538	-3189	-4017	593	-3195	-416	-86	1089	-3087	43
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-2	-10204	-11246	-894	-1115	-1942	-435	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	444
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
298	4	-3898	-149	88	-4219	-1463	-2058	-1582	892	-570	-2987	1038	-689	819	2246	21	-2365	-3520	981	-288
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-2	-10260	-11303	-894	-1115	-596	-1564	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	445
299	-1397	-3038	-928	-2901	-504	1085	-2736	-1186	449	263	-2218	-3006	603	-867	-554	39	187	1072	2048	1040
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-2	-10415	-11457	-894	-1115	-267	-2567	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	446
300	-1177	-3356	1832	-2532	-3429	237	-2555	-1214	-833	294	-293	-727	-137	844	-2813	-3	-2659	548	952	2051
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-1917	-2254	-1463	282	-1404	452	-505	-766	1139	-304	-19	1081	-1324	-4271	-341
301	1114	-4085	594	798	-654	-1917	-2254	-1463	282	-1404	452	-505	-766	1139	-304	-19	1081	-1324	-4271	-341
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-60	-10485	-4636	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	447
302	-833	-4031	173	-1079	1188	-1064	-2204	-1235	-116	-4045	-3121	191	76	462	-1170	-203	439	-3650	963	3212
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	448
-	-2	-10426	-11468	-894	-1115	-282	-4353	1769	-649	-1024	-1741	-3145	1134	-3697	-1811	-765	556	-1304	-1729	-4245
303	433	-3984	420	767	-1222	-3624	176	-318	-1888	-905	-3086	906	728	486	104	-2535	1437	350	-4197	-350
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-745	942	-350	-1689	82	-1244	-3128	691	-136	-328	982	-2518	133	148	1628
304	328	1309	-281	-282	-4353	1769	-649	-1024	-1741	-3145	1134	-3697	-1811	-765	556	-1304	-1729	-4245	852	451
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	452
305	-1216	-4032	-9	-1118	-745	-942	-350	-1689	82	-1244	-3128	691	-136	-328	982	-2518	133	148	1628	2241
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-1	-10485	-3012	-2457	1283	719	1555	-3109	-39	-867	1993	942	-900	-629	-2757	458	350	359	117	-369
306	-136	-3415	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	453

307	819	-4092	1457	1573	-4413	-1864	414	-1864	664	-1015	939	267	-3714	-4275	-3593	454												
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249								
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	1098	-4474	-3801	-3979	460	-356	1357	2000	1529	455							
308	32	-2705	-5217	-4581	-906	41	-3295	-1012	-4178	1118	251	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249								
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-71	-10485	-4400	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	-795	-1373	2904	-622	-3585	-2126	-392	916	69	-154	-3006	1234	456				
309	142	-4028	108	874	-4348	-1341	-2192	-1403	-611	-2296	157	1235	1056	1352	-2280	294	1338	601	-4212	-3531	456							
-	-150	-501	234	42	-382	398	105	-627	209	-627	-721	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-1126	-2403	-1503	-26	-5804	-267	-2567	*	*	*	*	104	638	-322	-795	-1373	2904	-622	-3585	-2126	-392	916	69	-154	-3006	1234	458	
310	-734	-2610	-2963	-495	1059	-3026	-189	*	*	*	*	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	210	-626	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249					
-	-2	-8894	-10936	-894	-1115	-3026	-189	*	*	*	*	103	-2798	1221	-3631	1102	1518	-641	-3982	-3272	851	-1354	282	1211	-2692	-2347	459	
311	-694	-2235	-4645	-4015	-2191	-10485	-11527	-894	-1115	-3026	-189	103	-2798	1221	-3631	1102	1518	-641	-3982	-3272	851	-1354	282	1211	-2692	-2347	459	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	210	-626	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249					
-	-2	-9944	-10986	-894	-1115	-617	-1523	*	*	*	*	3055	-4167	-3000	-40	-357	532	2046	142	-1479	-3268	-3551	249	-2072	-3096	-75	460	
312	-1055	-2651	-613	-3810	-3810	-4167	-3000	-40	*	*	*	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-2	-10321	-11363	-894	-1115	-149	-3351	*	*	*	*	4487	-185	-2314	-4239	-1905	-4183	-3258	1531	-3743	456	-609	712	63	-3769	-4350	-3663	461
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	3644	-4450	-3303	-537	-4204	-55	-1932	-851	-4499	-3826	-4005	-3535	-2845	1077	1010	672	462
313	-467	-4167	2491	1181	-4487	-185	-2314	-4239	-210	-626	-720	210	-626	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	210	-626	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	3644	-4450	-3303	-537	-4204	-55	-1932	-851	-4499	-3826	-4005	-3535	-2845	1077	1010	672	462
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	210	-626	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249					
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	3644	-4450	-3303	-537	-4204	-55	-1932	-851	-4499	-3826	-4005	-3535	-2845	1077	1010	672	462
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	3644	-4450	-3303	-537	-4204	-55	-1932	-851	-4499	-3826	-4005	-3535	-2845	1077	1010	672	462
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	209	-627	-721	277	393	48	95	360	119	-368	-295	-245					
-	-149	-500																										

322	507	-4092	449	641	-4414	575	44	-4164	1050	-4108	-3181	1550	546	-720	-205	534	-202	-1228	-4276	-3593	470		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-		
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	-3231	-70	-3946	275	-1944	-363	129	-1121	-3855	20	400	1440	-3195	-283	
-	323	1505	-2743	-4902	-1789	1303	-1992	-3231	-70	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	471		
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	-3661	-70	-3946	275	-1944	-363	129	-1121	-3855	20	400	1440	-3195	-283	
-	324	-1181	-3995	572	-1044	2076	58	605	-1596	57	-562	-3095	-2274	-3713	478	213	1242	-1331	509	-4205	-1010	472	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	473		
-	-961	-10485	-1042	-894	-1115	-701	-1378	*	-3661	-70	-3946	275	-1944	-363	129	-1121	-3855	20	400	1440	-3195	-283	
-	325	54	-3258	916	-1144	-3561	-794	-1470	532	-168	-1378	-2352	55	-2902	791	1381	518	-666	322	-3452	-2781	-249	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	473		
-	-1238	-9527	-763	-894	-1115	-4529	-64	*	-3661	-70	-3946	275	-1944	-363	129	-1121	-3855	20	400	1440	-3195	-283	
-	326	-1841	-2600	-1855	-2154	-4644	1586	-2893	-4556	-3135	-4654	-3836	2243	3218	-2685	-3520	-1961	-2222	-3536	-4706	-4269	474	
-	-149	-500	232	43	-372	398	105	-627	210	-466	-714	277	393	45	95	359	117	-370	-295	-250	-		
-	-3410	-1305	-995	-53	-4787	-1602	-576	*	-2967	-646	-2914	-1989	2083	-2498	1034	692	218	-1370	-2520	-3084	-2402	476	
-	327	-1431	891	-42	1025	456	1017	-1064	-2967	-646	-2914	-1989	2083	-2498	1034	692	218	-1370	-2520	-3084	-2402	476	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	477		
-	-4	-8991	-10033	-894	-1115	-4118	-86	*	-2890	-1625	-1587	1866	-1854	1506	675	-2961	-1491	383	-1881	-1570	1115	-2366	
-	328	-355	-1974	-2372	-1796	2376	-2890	-1625	-1587	-1625	-1587	1866	-1854	1506	675	-2961	-1491	383	-1881	-1570	1115	-2366	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	477		
-	-4	-9057	-10099	-894	-1115	-2560	-268	*	-2560	-268	*	-2560	-268	*	-2560	-268	*	-2560	-268	*	-2560	-268	
-	329	-1797	-2342	-415	287	2146	-1027	-1712	-51	-142	-441	-1509	-1885	-3066	709	-1954	-458	155	-585	-3483	743	478	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-		
-	-3	-9370	-10413	-894	-1115	-9115	-925	-1079	*	-1079	-1079	-1079	-1079	-1033	-231	832	-3324	1918	751	425	-935	-626	
-	330	176	-3702	-92	-245	-320	-1338	-1891	146	745	-1033	-231	-1033	-231	-1033	-231	832	-3324	1918	751	425	-935	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	479		
-	-41	-10054	-5194	-894	-1115	-2687	-243	*	-3010	1948	775	-389	-803	672	921	-883	-3613	-2003	-2483	-296	-51	-1063	
-	331	-2358	-2946	488	-965	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	480	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-		
-	-2	-10061	-11103	-894	-1115	-1687	-537	*	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	481	
-	332	-225	-3817	367	-10	-624	1049	412	-814	1051	-3829	-2908	1912	-3434	-1544	-2091	14	446	5	-4005	-591	482	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-		
-	-178	-10186	-3115	-894	-1115	-3306	-154	*	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	-3010	482	
-	333	-2215	-3689	592	-269	-4010	-257	-1848	-3760	469	-56	-2778	781	1787	-206	-283	1184	857	-3311	-3872	-3189	-	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-		
-	-157	-10010	-3296	-894	-1115	-3810	-107	*	-3664	159	-823	613	947	-3187	752	658	1133	969	-3214	-3776	-3093	484	
-	334	-1053	451	-173	368	985	-582	-1891	623	-1580	-3052	-2247	-1944	-388	2031	471	86	-2075	-1017	2776	1210	483	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-		
-	-2547	-9895	-273	-894	-1115	-4043	-381	-399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	-685	-720	-1755	-2222	1482	
-	335	-796	-2121	-552	-83	-2376	-1691	-301	-2144	1349	-2097	-1233	2085	-91	-685	-720	275	394	45	96	359	117	-369
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-		
-	-697	-7361	-1408	-894	-1115	-4530	-64	*	-1408	-894	-1115	-4530	-64	*	-1408	-894	-1115	-4530	-64	*	-1408	-894	

35 / 43

352	-155	-4088	25	301	1032	748	486	-4157	319	-991	690	-11	-3687	-39	-1267	1019	341	-3709	258	879	501				
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-				
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	188	-549	1388	60	-3694	-71	552	426	-337	-783	1504	789	502	
-	353	386	-4061	421	-302	231	438	-2261	-4109	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-				
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	449	1708	-3959	1019	-3674	-391	214	-226	-420	139	2373	503		
-	354	-879	1409	-4984	-1583	-578	-465	1302	-627	-886	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-				
-	-25	-10485	-5900	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	667	-4087	1182	151	2162	-213	-573	1170	360	-1328	353	-654	504	
-	355	-1603	-4071	789	-90	-4392	-438	525	-4142	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	-				
-	-78	-10461	-4264	-894	-1115	-1234	-799	*	*	*	*	838	-3090	-2168	-1232	-210	698	362	-1502	1125	1299	-3264	-2585	507	
-	356	164	-4006	1385	874	-4327	15	930	-4077	-92	-633	-3095	1912	-795	-668	-2253	693	-2472	-3628	4189	918	505			
-	-148	-501	232	42	-382	398	105	-627	211	-467	-721	276	395	51	95	359	120	-370	-295	-250	-				
-	-2406	-2237	-739	-24	-5935	-502	-1768	*	*	*	*	895	-3624	-2699	1357	799	704	-164	915	153	837	-3794	-3113	509	
-	357	1136	-3077	193	959	-3392	-16	-1254	-3138	210	-627	210	-627	210	-627	210	698	362	-1502	1125	1299	-3264	-2585	507	
-	-149	-500	235	43	-381	398	105	-627	210	-627	210	-627	210	-627	210	-627	210	698	362	-1502	1125	1299	-3264	-2585	507
-	-285	-2486	-10292	-60	-4624	-1155	-860	*	*	*	*	895	-3624	-2699	1357	799	704	-164	915	153	837	-3794	-3113	509	
-	358	-701	-3609	1115	-1443	-88	-14	299	-1392	210	-626	210	-626	210	-626	210	698	362	-1502	1125	1299	-3264	-2585	507	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-626	210	-626	210	-626	210	-626	210	698	362	-1502	1125	1299	-3264	-2585	507
-	-2	-9922	-10964	-894	-1115	-1613	-571	*	*	*	*	501	-939	-2788	-729	-3388	932	-61	-647	-291	-1379	1301	949	510	
-	359	-1231	884	947	1343	1375	199	-1959	-1477	1670	-1007	-3172	1163	-3689	-635	940	409	-409	-349	259	3343	-879	511		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-626	210	-626	210	-626	210	-626	210	698	362	-1502	1125	1299	-3264	-2585	507
-	-2	-10112	-11154	-894	-1115	-79	-4227	*	*	*	*	895	-3624	-2699	1357	799	704	-164	915	153	837	-3794	-3113	509	
-	360	-422	-4092	-177	-744	-4399	-3596	812	-1474	1670	-1007	-3172	1163	-3689	-635	940	409	-409	-349	259	3343	-879	511		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-626	210	-626	210	-626	210	-626	210	698	362	-1502	1125	1299	-3264	-2585	507
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	895	-3624	-2699	1357	799	704	-164	915	153	837	-3794	-3113	509	
-	361	2063	-3835	-284	-2073	-4049	-3672	-2345	-3729	-1980	256	1615	1147	-3762	1155	-721	539	-297	-1175	-4086	-3475	512			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-626	210	-626	210	-626	210	-626	210	698	362	-1502	1125	1299	-3264	-2585	507
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	895	-3624	-2699	1357	799	704	-164	915	153	837	-3794	-3113	509	
-	362	-83	-2706	-5208	-4573	1133	57	-3293	500	-4171	-12	480	508	-4473	-3797	-1508	985	358	2404	3163	-2821	513			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-626	210	-626	210	-626	210	-626	210	698	362	-1502	1125	1299	-3264	-2585	507
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-626	210	-626	210	-626	210	-626	210	698	362	-1502	1125	1299	-3264	-2585	507
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-626	210	-626	210	-626	210	-626	210	698	362	-1502	1125	1299	-3264	-2585	507
-	363	-2922	-2751	-5249	-4619	-2714	-4471	-3353	366	-4221	-68	-1957	1891	-4523	-3850	-4031	463	2587	1278	2337	-2881	514			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-626	210	-626	210	-626	210	-626	210	698	362	-1502	1125	1299	-3264	-2585	507
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	895	-3624	-2699	1357	799	704	-164	915	153	837	-3794	-3113	509	
-	364	-691	-5749	-7397	-7594	3911	-7189	-3595	-5428	-7161	426	-4871	-5931	-7055	-729	-6595	-6411	-6467	69	2012	1759	515			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-626	210	-626	210	-626	210	-626	210	698	362	-1502	1125	1299	-3264	-2585	507
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-626	210	-626	210	-626	210	-626	210	698	362	-1502	1125	1299	-3264	-2585	507
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	895	-3624	-2699	1357	799	704	-164	915	153	837	-3794	-3113	509	
-	365	-1388	-3732	-6389	-5753	-175	-5697	-4594	1828	-5425	1541	186	-5350	-5603	-4940	-5204	-4820	-3997	2430	2295	-3993	516			
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-626	210	-626	210	-626	210	-626	210	698	362	-1502	1125	1299	-3264	-2585	507
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	895	-3624	-2699	1357	799	704	-164	915	153	837	-3794	-3113	509	
-	366	-1199	728	2819	1540	-4376	1163	-2266	-1862	-4079	-3161	-230	-3698	-1810	-909	-1034	-1084	-1474	-4260	-3585	517				
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-626	210	-626	210	-626	210	-626	210	698	362	-1502	1125	1299	-3264	-2585	507
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	895	-3624	-2699	1357	799	704	-164	915	153	837	-3794	-3113	509	

367	-3525	-4145	-6117	-6472	-6811	-4397	-6004	-6593	-6693	-5938	3991	-5207	-6045	-6340	1494	-990	-1177	-7031	-6952	518
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
368	-8351	-7039	-8010	-8359	-4914	-7245	5446	-8380	-8236	-7882	-7739	-7788	-7602	-7853	-7738	-8455	-8411	-8363	437	-4466
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
369	-5713	-7209	4171	-1139	-7691	-5309	-4876	-7880	-5377	-7635	-7175	-4028	-5699	-4617	-6337	-5333	-5830	-7322	-7358	-6716
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
370	-2724	-3336	-3119	-2562	-3404	-1240	-2610	-941	-2438	-1922	-2315	1570	-1231	2033	-868	-637	2484	-1128	-3694	-3212
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-36	-10485	-5377	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
371	-192	-4062	-600	735	-4333	533	-2221	-4133	-171	-4078	1177	830	1627	1762	-623	64	-2528	-849	-4245	550
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-125	-10450	-3599	-894	-1115	-1420	-675	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
372	-1141	-3709	-4623	-4041	-4379	-4271	-3670	-3967	-3223	-4210	265	-3864	529	-3489	3785	-1709	105	-3678	-4619	-118
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-1658	-10326	-551	-894	-1115	-2638	-253	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
373	82	-2585	-1301	254	-2989	1681	-1268	1213	-960	-2739	-1898	2254	-2584	-871	-1448	493	-1457	-290	-3024	-2414
-	-149	-500	233	43	-381	401	105	-626	210	-466	-721	275	394	45	96	359	117	-369	-295	-250
-	-1076	-2568	-1486	-91	-4030	-5056	-44	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
374	-1367	-2757	-684	762	-3061	-2109	3698	-2796	-450	-2756	-1901	-755	-2306	1644	-881	-1230	1816	-2389	-2927	-2269
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-8	-8039	-9081	-894	-1115	-4127	-85	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
375	1394	-1810	-3140	-2842	1387	2255	-2607	-2887	-2712	-3150	-2360	-2340	1262	-2491	-2885	894	-1555	-2316	-3527	-3183
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-7	-8232	-9274	-894	-1115	-3538	-130	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
376	849	-1609	-3510	-3089	-1549	1636	-2112	-1290	-2796	2090	-970	-2625	-3110	-2498	-2731	-2012	-1618	-1193	-2101	1259
-	-150	-501	232	44	-382	401	105	-627	214	-467	-721	274	393	48	97	358	116	-370	-295	-250
-	-1693	-536	-9575	-26	-5789	-2879	-211	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
377	-226	-3139	1871	1010	-3451	1305	-1240	-3212	-871	-3152	-2238	1334	134	921	-1397	81	-1585	-2757	-3321	-2616
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-2	-10447	-11489	-894	-1115	-369	-2148	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
379	562	-3868	-462	-775	-69	-236	-422	-464	-709	1303	473	-855	-1549	127	-937	83	468	-107	-4111	-249
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
380	-743	-3979	-1125	-92	-111	-3625	-2289	-874	-1891	-3974	-3082	-613	-987	1020	-679	1753	2083	394	850	-3542
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
381	-962	658	-514	224	10	-4134	1018	-475	-3061	495	-333	-3271	-4202	431	2132	-150	-966	738	-3403	395
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*

382	268	2114	-4241	20	1894	-630	232	-2390	-3421	223	1430	762	-4307	17	-3539	-3281	1630	-2291	377	-815	535	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-253	-2389	-1076	-705	-3711	-2881	-246	-3791	-531	-2512	755	-2599	-3301	3597	561	536	
-	383	-86	-3754	-986	-2134	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	-117	-1612	739	-1661	-3118	1729	-1558	34	-1142	84	229	-611	-4213	-3531	538
-	384	237	-4070	1550	-54	-92	1244	-2259	-4124	785	-1746	725	167	902	-1802	-59	-911	-2560	-1720	353	-177	537
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-2	-10415	-11457	-894	-1115	-1898	-451	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	385	-63	-4029	2080	-1002	334	-1340	-117	-1612	739	-1661	-3118	1729	-1558	34	-1142	84	229	-611	-4213	-3531	538
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-72	-10485	-4386	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	386	-773	-4031	-704	-52	-4352	698	-2190	201	967	-4047	-3120	312	1382	1007	1503	529	-2497	-1484	-4214	-3532	539
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-881	-10415	-1133	-894	-1115	-1898	-451	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	387	741	-33004	1598	-1134	-3623	-614	-1467	-3373	-107	-1031	-2983	849	1064	-1008	474	1233	-55	-2925	-3488	-2806	540
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-1176	-9537	-847	-894	-1115	-4520	-64	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	388	-1675	-3241	2685	911	-3524	547	-1205	-3308	-962	-68	-2368	673	-2559	1497	-1539	-1496	-1645	-2848	-3420	-2662	541
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-893	-8368	-1126	-894	-1115	-5157	-41	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	389	1055	-1975	-432	972	-2289	-1557	-243	-205	-471	-715	279	393	51	90	384	119	-375	-269	-243		
-	-151	-505	234	40	-386	407	100	-632	205	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	-2651	-632	-2354	-3521	-132	-4314	-74	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	390	3077	-1244	-3035	-3163	-3572	-1512	-2759	-3308	-3117	-3559	-2716	-2079	-2884	-2759	-3042	1540	-1074	-2263	-3808	-3620	568
-	-147	-500	232	45	-381	398	105	-627	212	-466	-721	277	393	45	95	359	117	-370	-295	-250		
-	-2640	-257	-8518	-44	-5048	-2662	-248	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	391	837	-2471	292	1046	-2759	-2064	-725	-2487	1705	-2473	1101	-712	-2156	-277	373	-974	-1017	396	-2674	1075	570
-	-149	-500	233	43	-381	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-6	-8461	-9503	-894	-1115	-5129	-42	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	392	-3113	-2830	1818	-4013	1528	-4239	-1573	-2480	-3727	986	-2078	186	-4225	-3165	-3598	-3353	-3036	-2449	2248	3302	571
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-5	-8715	-9758	-894	-1115	-5040	-45	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	394	-1389	-2365	-1493	1183	-2536	-2440	-1087	640	869	-2303	-1500	-1174	-2521	995	809	-1382	-1321	1849	2205	-2088	573
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-4	-8936	-9978	-894	-1115	-533	-1694	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	395	-252	-2857	465	727	-2376	-1023	659	1621	-2872	-1947	-1002	844	1191	1114	-1272	-1330	-2478	2000	-2361	574	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249		
-	-2	-10162	-11204	-894	-1115	-608	-1540	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		

-	-149	-500	233	-381	-3221	-1232	-2575	1277	-838	530	-193	-865	-2353	-177	-750	-116	986	-3543	1959	576	
-	-149	-2	-10384	-11426	-894	-1115	-2206	-353	-2491	-1778	797	-2145	-29	-526	1325	-1394	-495	-3619	-4184	-3503	577
-	-149	-2534	-3999	1738	-525	-4317	-3509	-2167	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
-	-2	-10384	-11426	-894	-1115	-699	-1380	-3309	2276	2476	66	-4253	1410	-3454	-795	-758	-2284	-3287	-2908	578	
-	399	-2854	-4113	-3531	-2836	-1419	106	-1220	-3039	275	394	45	96	359	117	-369	-369	-294	-294	-249	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-2	-10447	-11484	-894	-1115	-369	-2148	-3266	-1143	-4122	585	-1920	-4034	-4466	-750	-3952	-3496	-2818	-566	-3175	-681
-	400	2748	75	-1809	-4507	-2673	1064	-3284	-415	-4122	585	-1920	-4034	-4466	-750	-3952	-3496	-2818	-566	-3175	-681
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	-3039	-1143	-4070	417	924	1587	-4454	-862	-171	-6	-794	-314	1884	2319
-	401	1007	-2722	-5068	-4442	-260	-922	-3266	-1143	-4070	-412	924	1587	-4454	-862	-171	-6	-794	-314	1884	2319
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	-3039	-1143	-4070	-412	924	1587	-4454	-862	-171	-6	-794	-314	1884	2319
-	402	2091	-2826	-4410	-350	-2798	-765	-3108	-886	-1305	-185	571	-1268	-4343	-3320	-3627	-142	257	1282	-3267	-2900
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	-3039	-1143	-4070	-412	924	1587	-4454	-862	-171	-6	-794	-314	1884	2319
-	403	-316	-2736	-5254	-4620	-2973	-4458	-3317	-833	-4215	1354	-1929	-4102	-4507	-3835	-4014	-1749	-2851	505	890	1656
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	-3039	-1143	-4070	-412	924	1587	-4454	-862	-171	-6	-794	-314	1884	2319
-	404	-2877	-2707	-5197	-422	-3292	2104	-4164	-1293	-2607	-4060	-4472	1015	-3972	-762	653	-558	870	-503	583	583
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	-3039	-1143	-4070	-412	924	1587	-4454	-862	-171	-6	-794	-314	1884	2319
-	405	-102	-249	-5221	-4585	1419	-4427	-1872	-67	-4181	2348	1741	-1301	-4477	-259	-3512	-2821	-1289	-3164	-2822	584
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	-3039	-1143	-4070	-412	924	1587	-4454	-862	-171	-6	-794	-314	1884	2319
-	406	1121	-2789	-4986	-4359	-2774	-272	-3299	-1241	-4015	817	573	-3967	-4463	-3694	-1461	860	2532	-2226	-3266	-2918
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	-3039	-1143	-4070	-412	924	1587	-4454	-862	-171	-6	-794	-314	1884	2319
-	407	-1162	504	-5204	-4569	278	-1169	2392	-705	-4168	978	1453	-1329	-4472	-3794	1338	1072	-2817	-857	2168	578
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	-3039	-1143	-4070	-412	924	1587	-4454	-862	-171	-6	-794	-314	1884	2319
-	408	-197	-4091	834	483	-4411	-3593	-2252	-1792	-929	-1839	-3180	-524	2750	-56	1482	-63	-287	-1727	-4274	-3592
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	-3039	-1143	-4070	-412	924	1587	-4454	-862	-171	-6	-794	-314	1884	2319
-	409	108	-1882	-2115	-1557	277	1324	-1460	-1493	-1415	-235	-1061	540	-2792	356	-1750	116	-1448	1344	-2264	588
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	-3039	-1143	-4070	-412	924	1587	-4454	-862	-171	-6	-794	-314	1884	2319
-	411	-611	-2728	-5019	-4396	-875	-4395	-346	1500	-4034	-2578	475	966	-4447	-712	-1081	19	2168	1067	647	877
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	-3039	-1143	-4070	-412	924	1587	-4454	-862	-171	-6	-794	-314	1884	2319

412	-463	-3750	-5545	-5211	-4778	-1375	-4650	-4375	-1470	-1705	-3960	-4554	3885	-4708	-5002	-885	-483	-587	-5170	-4852	591
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	467	159	-2214	-493	-1071	794	174	-46	-1390	1009	-3440	1877	592
413	406	2352	-733	-3127	323	4097	-2866	504	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	467	159	-2214	-493	-1071	794	174	-46	-1390	1009	-3440	1877	592
414	-4702	-4203	-7370	-7027	262	-7166	-704	3284	-6962	-3594	268	-6819	-6917	-6860	-7081	-6511	232	2105	-6428	-5951	593
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	467	159	-2214	-493	-1071	794	174	-46	-1390	1009	-3440	1877	592
415	-7127	-6045	-7502	-7856	2309	-7386	-309	-6013	-7401	-5320	1986	-5995	-7240	-538	-6768	-6634	-6976	-6169	-2816	4339	594
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	467	159	-2214	-493	-1071	794	174	-46	-1390	1009	-3440	1877	592
416	-1722	-4302	-3604	-3359	-4183	-1214	-3510	-4733	-3410	-4822	-4070	-46	-4701	1972	-3807	1462	-3584	-4326	1026	3906	595
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	467	159	-2214	-493	-1071	794	174	-46	-1390	1009	-3440	1877	592
417	-1586	-4606	633	-4189	-6820	3298	-4973	-6677	-5288	-6784	-6927	-4169	-38	-4749	-53	525	-4212	-5576	-6941	-6442	596
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	467	159	-2214	-493	-1071	794	174	-46	-1390	1009	-3440	1877	592
418	-2645	-4116	2070	1526	-1241	-3611	1940	-4185	-1860	-4131	-3206	-2247	-65	1591	-747	-2525	1067	-3737	-4300	1627	597
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	467	159	-2214	-493	-1071	794	174	-46	-1390	1009	-3440	1877	592
419	-2625	-4031	-1060	3238	-818	-1292	-2271	-4056	-681	-1825	1023	-542	-3702	-1821	-265	-1370	-1030	-1215	-4231	-936	598
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	467	159	-2214	-493	-1071	794	174	-46	-1390	1009	-3440	1877	592
420	-1034	-2720	-5079	-1279	1571	-1417	1638	-4078	-417	905	-844	-4456	2001	-3927	-491	-2813	-331	2033	1810	599	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	467	159	-2214	-493	-1071	794	174	-46	-1390	1009	-3440	1877	592
421	-2907	-4290	618	-962	-4563	2894	664	-4291	-2183	-1667	-3405	-2448	-1378	-2104	-2699	49	404	-3889	-4504	1570	600
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-50	-10485	-4914	-894	-1115	-701	-1378	*	467	159	-2214	-493	-1071	794	174	-46	-1390	1009	-3440	1877	592
422	-474	598	-1486	-1922	308	-114	-3056	-1113	-3495	-4	3600	-1012	-4294	413	445	-1247	-830	-1236	2604	382	601
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-2	-10437	-11479	-894	-1115	-328	-2299	*	467	159	-2214	-493	-1071	794	174	-46	-1390	1009	-3440	1877	592
423	238	-4087	1128	-891	-4406	-367	177	-1155	-238	-220	-225	301	111	-579	-2341	744	2247	-1726	-4272	-3591	602
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-125	-10485	-3606	-894	-1115	-701	-1378	*	467	159	-2214	-493	-1071	794	174	-46	-1390	1009	-3440	1877	592
424	-1091	-3993	833	-617	75	2430	-131	-4063	-51	-4009	-3083	1846	-3587	-162	-2243	-2402	-424	-3615	-4177	638	603
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-2	-10362	-11404	-894	-1115	-2391	-305	*	467	159	-2214	-493	-1071	794	174	-46	-1390	1009	-3440	1877	592
425	-376	-3984	1222	-100	601	1631	-153	-4054	326	-4000	-3073	48	-566	613	-2233	-580	473	500	-4168	393	604
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-30	-10362	-5680	-894	-1115	-2391	-305	*	467	159	-2214	-493	-1071	794	174	-46	-1390	1009	-3440	1877	592
426	127	-3961	870	-877	-4283	489	-166	-4033	1214	-3977	113	1373	475	-558	533	-106	-314	-3583	1977	258	605
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-1169	-10334	-851	-894	-1115	-2390	-262	*	467	159	-2214	-493	-1071	794	174	-46	-1390	1009	-3440	1877	592

427	-459	-1653	-3572	-408	1776	1540	-2061	1132	-2665	-1506	970	-2687	-708	-294	-2642	-256	-1675	773	-2101	863	606	
-	-149	-500	'233	'361	'894	'1115	'3333	'151	'626	'210	'466	'720	'275	'394	'45	'96	'359	'117	'369	'294	'-249	
-	-408	-9169	-2033	-894	1104	-3283	736	-1106	-3037	263	-2980	-2058	1862	689	-650	-1217	452	1160	-2586	-3148	-2458	
-	428	-1483	-2965	465	233	'43	'381	'399	'106	'626	'210	'466	'720	'275	'394	'45	'96	'359	'117	'369	'294	'-249
-	-149	-500	'233	'361	'894	'1115	'4938	'48	'626	'210	'468	'722	'277	'394	'47	'94	'358	'117	'369	'296	'-251	
-	-309	-8846	-2391	'784	'1254	'4263	'77	'4263	'-1254	'278	'298	'-2279	'-2639	'778	'-2635	'-940	'-2373	'-489	'834	'-1240	'-2248	'3918
-	429	-1303	1409	1871	'648	'2928	'2279	'529	'2639	'720	'468	'722	'277	'394	'47	'94	'358	'117	'369	'294	'-251	
-	-149	-501	233	'47	'382	'400	'104	'378	'400	'104	'628	'212	'468	'722	'276	'392	'44	'94	'359	'122	'369	'-296
-	-3892	-196	-4066	'18	'6308	'4205	'80	'378	'4205	'80	'378	'4205	'80	'378	'4205	'80	'378	'4205	'80	'378	'4205	'80
-	430	-1378	-1464	1505	'149	'1448	'383	'-1564	'2094	'1845	'353	'-656	'-2001	'191	'-1651	'-2009	'-1790	'-1319	'496	'1890	'-1511	'612
-	-149	-501	233	'47	'382	'400	'104	'378	'400	'104	'628	'212	'468	'722	'276	'392	'44	'94	'359	'122	'369	'-296
-	-3892	-196	-4066	'18	'6308	'4205	'80	'378	'4205	'80	'378	'4205	'80	'378	'4205	'80	'378	'4205	'80	'378	'4205	'80
-	431	-1247	-2712	176	907	-3030	460	'881	'2778	'772	'2727	'930	'-858	'-2315	'649	'651	'1202	'-1186	'972	'-2898	'-2217	'614
-	-149	-500	233	'43	'381	'399	'106	'626	'210	'466	'720	'275	'394	'45	'96	'359	'117	'369	'294	'-249		
-	-149	-5	-8729	-9771	'-894	'-1115	'-997	'-1003	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	
-	432	-1003	-2598	3026	-2324	'-66	'-1180	'-2211	'-860	'-2179	'-1281	'-1775	'-2452	'1008	'33	'-2508	'-2445	'-552	'-2055	'-2990	'1948	'615
-	-149	-500	233	'43	'381	'399	'106	'626	'210	'466	'720	'275	'394	'45	'96	'359	'117	'369	'294	'-249		
-	-2	-9851	-10893	'-894	'-1115	'-2650	'-250	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	
-	433	-4259	-6085	168	'-389	'-6338	'-1353	'-3437	'-6205	'-1184	'-6026	'-5374	'-2764	'3605	'-3099	'443	'-3918	'-4304	'-5704	'-6158	'-5251	'616
-	-149	-500	233	'43	'381	'399	'106	'626	'210	'466	'720	'275	'394	'45	'96	'359	'117	'369	'294	'-249		
-	-2578	-9938	-266	'-894	'-1115	'-3963	'-96	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	
-	434	-767	-1577	-1043	-1067	-3143	1519	'-1529	'-2894	'-1441	'-3025	'-2184	'3091	'-2118	'-1234	'-1831	'-873	'1385	'-2164	'-3243	'-2736	'617
-	-150	-502	232	'42	'-383	'400	'112	'-623	'209	'-623	'-723	'278	'394	'43	'93	'358	'118	'-362	'-297	'-252		
-	-2537	-712	-2204	'-2592	'-262	'-5349	'-36	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	
-	435	-516	-984	-1115	-725	-1277	-1618	'-728	'-1389	'-611	'-1043	'-403	'2411	'-1864	'-536	'-925	'-734	'1361	'-304	'-1662	'-1201	'627
-	-149	-500	233	'43	'378	'398	'105	'-624	'210	'-624	'-721	'277	'394	'45	'96	'359	'117	'-370	'-295	'-250		
-	-2189	-746	-2440	'-82	'-4184	'-3801	'-107	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	
-	436	-842	-1512	-1081	'-942	'-2142	'956	'-1175	'-1815	'-1029	'-2033	'3596	'2383	'-2133	'-939	'-1362	'-970	'-987	'-1484	'-2412	'-1909	'629
-	-149	-500	232	'43	'377	'398	'110	'-627	'210	'-626	'-721	'277	'395	'45	'95	'360	'117	'-370	'-295	'-250		
-	-2587	-268	-8465	'-46	'-4987	'-434	'-1945	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	
-	437	667	22	2713	'-265	'492	'-1542	'-1977	'-915	'-345	'-705	'-2762	'766	'-3404	'-320	'-2078	'-912	'-2257	'-3252	'-3874	'750	'631
-	-149	-500	233	'43	'-381	'399	'106	'-626	'210	'-626	'-720	'275	'394	'45	'96	'359	'117	'-369	'-294	'-249		
-	-2	-10119	-11161	'-894	'-1115	'-2057	'-397	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	
-	438	163	2158	-139	334	-3981	-1132	'-428	'691	'-1645	'-1918	'-2818	'2472	'-3467	'59	'-2142	'214	'-946	'312	'-3932	'-3284	'632
-	-149	-500	233	'43	'-381	'399	'106	'-626	'210	'-626	'-720	'275	'394	'45	'96	'359	'117	'-369	'-294	'-249		
-	-2	-10227	-11269	'-894	'-1115	'-2362	'-312	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	
-	439	-2407	3398	'-136	'-1040	'-4126	'-1288	'-2049	'-3861	'-1638	'-267	'-2922	'-2032	'-3481	'-62	'-2733	'-1148	'-976	'-3437	'-4023	'-448	'633
-	-149	-500	233	'43	'-381	'399	'106	'-626	'210	'-626	'-720	'275	'394	'45	'96	'359	'117	'-369	'-294	'-249		
-	-2	-10255	-11297	'-894	'-1115	'-3026	'-189	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	
-	441	458	1520	-130	-1724	-4201	'-839	'-2056	'-3948	'-280	'54	'1209	'449	'-187	'-122	'606	'683	'410	'-3504	'-4070	'-3390	'635
-	-149	-500	233	'43	'-381	'399	'106	'-626	'210	'-626	'-720	'275	'394	'45	'96	'359	'117	'-369	'-294	'-249		
-	-186	-10255	-3060	'-894	'-1115	'-4338	'-	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	'*	

442	-848	-3504	1165	-27	589	-713	-2036	-749	-1675	-434	2480	2087	-3452	-1624	-577	196	365	-3065	-3759	-3152	636					
-	-149	-500	233	43	-381	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249					
-	-2	-10119	-11162	-894	-1115	-3527	-131	*	*	*	-151	-1947	-1353	-1552	-3762	1222	908	1881	683	871	-1188	-1039	-1510	2049	1185	
443	189	-3751	-781	227	-4059	-151	-1947	-1353	-1552	-3762	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249	637		
-	-149	-500	233	43	-381	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249	-249				
-	-2	-10119	-11162	-894	-1115	-1708	-527	*	*	*	-3054	-952	-3923	18	1178	-3820	-823	-908	-3734	-3268	33	-515	4459	1654	638	
444	-54	-2472	-1427	-4321	1165	248	-3054	-952	-3923	18	1178	-3820	-823	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249	639		
-	-149	-500	233	43	-381	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249	-249				
-	-2	-10222	-11264	-894	-1115	-1427	-671	*	*	*	-2734	-235	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*			
445	-818	-3941	624	13	779	-979	-146	-1114	967	-1627	-3030	1286	-1468	599	716	1074	-503	-723	-4124	-3442	639					
-	-149	-500	233	43	-381	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249	-249				
-	-50	-10311	-4899	-894	-1115	-2734	-235	*	*	*	-1827	-3541	-2706	-2203	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	640		
446	812	2734	1602	985	-1033	170	424	-1653	-1827	-3541	-2706	-2203	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249	641			
-	-149	-500	233	43	-381	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249	-249				
-	-2	-10262	-11304	-894	-1115	-2217	-350	*	*	*	-3595	-2287	749	-113	-505	855	-506	-3681	-585	-2447	-520	832	-1416	-3725	2123	
447	-1344	-3417	267	1427	889	-3595	-2287	749	-113	-505	855	-506	-3681	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249	-249	641			
-	-149	-500	233	43	-381	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249	-249				
-	-2	-10289	-11331	-894	-1115	-1655	-551	*	*	*	-3465	-2394	-4035	896	-3980	-3053	1233	744	1063	609	-1403	-812	-804	-4147	670	
448	497	-3964	-282	-89	28	-3465	-2394	-4035	896	-3980	-3053	1233	744	1063	609	1403	45	96	359	117	-369	-294	-294	642		
-	-149	-500	233	43	-381	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249	-249				
-	-117	-10337	-3698	-894	-1115	-2571	-266	*	*	*	-1599	-3530	-283	-3473	-2550	1526	-3027	-1143	698	1382	-483	982	-3486	-4048	-640	
449	446	-3864	535	716	-4185	-1034	-2025	-1451	913	-292	-235	-738	-3460	1106	1382	-483	982	-3486	-4048	-640	643					
-	-149	-500	233	43	-381	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249	-249				
-	-618	-10222	-1525	-894	-1115	-3170	-170	*	*	*	-3286	-2133	-73	715	120	910	-2784	-3340	-2483	-488	1106	1793	-78	-2141	-1787	
450	-1976	-3458	2309	892	-3776	-61	-1599	-3530	-283	-3473	-2550	1526	-3027	-1143	698	1382	-3079	-3640	-3951	-2951	644					
-	-147	-509	242	49	-387	396	105	-633	214	-473	-701	274	385	42	94	360	125	-378	-261	-244	-244	-244				
-	-1274	-1480	-2132	-3030	-188	-4446	-68	*	*	*	-3058	-2656	-106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
451	-159	-1691	-3708	-3099	1577	-3286	-2133	-73	715	120	910	-2784	-3340	-2483	-488	1106	1793	-78	-2141	-1787	659					
-	-149	-500	233	43	-381	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249	-249				
-	-4	-9234	-10276	-894	-1115	-3750	-111	*	*	*	-981	-1019	-106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
452	246	1159	372	1702	318	-2656	-1318	-3058	-914	-648	512	994	-26	-871	477	-444	700	-2651	-3255	-2595	660					
-	-149	-500	233	43	-381	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249	-249				
-	-3	-9312	-10354	-894	-1115	-981	-1019	*	*	*	-1019	-981	-106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
453	1069	-2335	-4412	1	26	-3947	-297	183	41	1807	224	-3463	-4001	-710	-3406	-1428	-885	-1752	-2785	402	661					
-	-149	-500	233	43	-381	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249	-249				
-	-2	-10014	-11056	-894	-1115	-2224	-347	*	*	*	-1336	-267	612	-244	-4	227	37	2036	179	175	205	-383	-4041	-3359		
454	277	-3251	-2499	-1946	1305	-1730	1022	590	824	-1777	-2394	-2198	-1131	140	1402	-451	-2290	-2769	-3560	2663	662					
-	-149	-500	233	43	-381	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249	-249				
-	-2	-10214	-11256	-894	-1115	-932	-1071	*	*	*	-1071	-981	-106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249
455	728	-3986	-624	909	812	-1165	597	-542	105	-358	-3057	-137	-831	1711	170	-2393	-962	-527	-4154	853	664					
-	-149	-500	233	43	-381	399	105	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-294	-249	-249				
-	-2	-10357	-11399	-894	-1115	-2427	-297	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*			

457	66	-2591	-5105	-4470	-188	-1573	-3183	2992	-1564	377	-1794	-3956	-4361	-3689	-3867	-107	-2705	805	-3049	493	665		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-2	-10357	-11399	-894	-1115	-2427	-297	*	*	*	*	2057	-2375	-115	-992	-830	1327	-298	497	102	-3602	-4164	
458	771	-3980	870	-586	-4301	-3482	-2141	-250	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	666		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	*	*	2427	-297	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	-2	-10357	-11399	-894	-1115	-2427	-297	*	*	*	*	961	-2141	-4052	1359	-3997	-3070	753	459	-578	667	3603	956
459	824	-3981	-2356	-648	-4302	-648	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	*	*	3104	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	-2	-10357	-11399	-894	-1115	-178	-3104	*	*	*	*	-1787	-3291	-193	-4160	1812	2808	-4058	-4471	-44	1634	-1315	-2822
460	-262	504	-5193	-4559	-2662	-2662	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	*	*	3104	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	-1460	-2791	1522	-2790	-416	-2294	1311	-4111	-449	-3103	-610	-3513
461	608	-3114	1889	-2942	-3135	-1460	-2791	1522	*	*	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249	
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	*	*	3104	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	-1460	-2791	1522	-2790	-416	-2294	1311	-4111	-449	-3103	-610	-3513
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	*	*	3104	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	-1460	-2791	1522	-2790	-416	-2294	1311	-4111	-449	-3103	-610	-3513
462	1064	-4092	352	-287	-4413	692	1287	-4164	-609	-518	-3181	810	565	-79	69	879	-1440	-3714	-4275	333	670		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	-466	-720	275	394	45	96	359	117	-369	-294	-249			
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	-1460	-2791	1522	-2790	-416	-2294	1311	-4111	-449	-3103	-610	-3513
463	1044	-2707	-5195	-1784	-2589	-2059	-3291	959	-1193	1067	-1910	-4058	-4471	-3790	-3971	-646	-403	212	1583	-2821	671		
-	-149	-500	233	43	-381	399	106	-626	210	*	*	3104	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
-	-1	-10485	-11527	-894	-1115	-701	-1378	*	*	*	*	-1460	-2791	1522	-2790	-416	-2294	1311	-4111	-449	-3103	-610	-3513
464	-5309	-5889	-6219	-1531	-6756	-5764	-2106	-1505	-2098	-5643	8	-4432	-5670	-483	3918	-5184	-4930	-5825	-5467	-5419	672		
-	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*			
-	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*			
-	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*			

Tabelle 4, Blatt 32/32

SEQUENZPROTOKOLL

<110> Bayer CropScience GmbH

EPO-BERLIN

30-09-2003

<120> Pflanzen mit verringelter Aktivität eines
Verzweigungsenzyms der Klasse 3

<130> BCS 03-5004

<140>

<141>

<160> 6

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 1004

<212> DNA

<213> Solanum tuberosum

<400> 1

tcaaactagt cacaaccagt ccatttctgg aggtcggtcc ttgcgcagaaa tactgattgg 60
taactccttg gggaaatcct ccatatcaca agagtcatta cttagaggct gctcggtaca 120
caagatgatc agattaatta catctacaat tggtggtcat gcataacctca acttcatggg 180
caatgaattt ggtcacccaa agagagtaga gtttccaatg tcaagcaaca atttctcctt 240
ttcaactggct aaccgtcgct gggatctatt ggaagatgtt gtacattatc aattgttctc 300
atttgataag ggtatgatgg acttggataa aaatggaga attttgtcca gaggtcttgc 360
caacattcac catgtcaatg atactaccat ggtgatttct tacttgagag gtcccaatct 420
ctttgttgc aactttcattc ctgtcaattc atatgaaaga tacattatag gtgtggaaga 480
agctggagag tatcaagtca cattaaatac agataaaaac aagtatggtg gtagaggact 540
acttggccat gatcagaata ttcaaagaac cattagtaga agagctgatg gaatgagatt 600
ttgcttggaa gtgcctctgc caagtagaag tgctcaggtc tacaagttga cccgaattct 660
aagagcatga tcactctagt aatcaaagtg cctcatatga tgacacaaaa gggaaagggttc 720
tacattgccct ttacactgat caatattgac acctttccga ggtgagtttc tgtgattctt 780
gagcagactg ttggctagtc aattatcatg aacttttgc ttcagcatcc ggatagtcgc 840
ttctcctgtg caatgagggc atggacgaat ttttttttgg ctgtcatgg gggtcataag 900
catccgcccag attaagattt cacaggcctc gagtaaaacc atcacttact ttaaggatac 960
acaaacacac caacgggtg caggctctga taccttctaa agtg 1004

<210> 2

<211> 2096

<212> DNA

<213> Solanum tuberosum

<400> 2

aacaatgctc tctctgtcgg attcaattcg aatttcttca ccattgagcg attctcgct 60

tagtttcta tctcaaaccg gaagcagaac cagtcgccag cttaaatttg ttgcgcagccg 120
ccgggctcga gtttcgaggt gtagatgctc agcaacggag caaccgccac cgcaacgacg 180
gaagcaacga ccggagaagt acaaacagtc ggaggaaggg aaaggaatcg atcctgttgg 240
atttctcgc aaatacgcca ttactcataa agcgttgct caatttcttc gtgaaagata 300
taaatcattg aaggacttga aggatgaaaat attgactcgt catttcagtc tcaaggagat 360
gtctactggg tatgaatcaa tggtatgca tcgcaacata caacatcgag tggatttctt 420
ggaatggct ccaggtgctc gctactgtgc tctgatttgt gacttcaatg ggtggtcaac 480
aactggtaac tgtgccagag aggtcattt tggcatgac gattatgggt attggtttat 540
tattctgaa gataaaattac gtgaaggaga agaacctgat aaattgtatt ttcaacagta 600
caattatgcg gaggactatg gttaaaggta cacgggtatt accgtcgagg aaatcttaa 660
aaaagcaaat gatgagtatt gggAACCTGG agaagatcgc ttcataaaaat cacgttatga 720
ggtggcagca aagttatatg agggaaatgtt cggaccaaattt ggacctcaaa cagaagagga 780
actagaagca atgcctgatg cagctacacg atacaaaact tgaaaagagc aacaaaaaga 840
ggatccggca agcaatttgc catcgatga tgtggtagat agtgaaaaag aatatgatat 900
ttacaatatt ataggtgatc ctgaatcggtt taagaatattt cgtatgaaac agcctcttat 960
tgcttactgg ttagaaacta aaaagggaaag gaaaggctgg ttacagaaat atatgcctgc 1020
tttacctcat ggaagcaaat acagggtgta ttttaacaca ccaaataatgggc ctcttgaacg 1080
agttcctgcg tggccaaattt ttgtcattcc agatgcaggc gggatggcat tagcagtcca 1140
ttgggaacca cctcctgaat atgcttataa atggaaacac aagctaccag tcaaggctaa 1200
gtccttgcgc atatatgaat gtcatgttgg catctctggc caggaaccaa aagtttcatc 1260
tttcaatgat tttattagca agtccattcc gcatgtaaaa gaagctggat acaatgcaat 1320
acaaattatt ggagttttt agcacaagga ttatttcaact gtggatata gagtggaccaa 1380
tttttatgct gtttagtagcc gttatggcac accggatgac ttcaagcgct tgggtttagtga 1440
agcacatggg cttggactgc ttgtctttt ggagattgtg cactctttag cagcagcaga 1500
tgaaaatggtt gggatatc ttttgatgg agcaaatgat tgctatttcc acactggtaa 1560
acgtggacac cacaatttctt gggcacacg gatgttcaaa tatggagatc ttgatgttct 1620
gcactttctt ctttcaaattc tgaactggtg ggtggaggag tatcatgtcg atggcttcca 1680
ttttcattcg ctctcgatc ttttgatgg gcataatggta ttgttcat ttactggta 1740
catggatgaa tactgttaacc aatatgttga caaggaggcc ttattgtacc tcataattagc 1800
aaatgaagta ttacatgctc ttcatcctaa tgtgatcacg attgctgagg atgcaactct 1860
gtatccctgga ctctcgatc caacatctca aggtggactg ggctttgatt atttgccaa 1920
tctttctgcc tcagagatgt ggcttgcatt acttggaaat actcctgatc atgaatggtg 1980
catgagtaag attgttagca cattagtggg cgatagacaa aatactgata aaatgctttt 2040
gtatgcagaa aatcacaacc agtccatttc tggaggtcgt tccttcgcag aaatac 2096

<210> 3
<211> 3204
<212> DNA
<213> Solanum tuberosum

<220>
<221> CDS
<222> (99) .. (2804)

<400> 3
gaattgtat acgactcact atagggcgaa ttggccctc tagatgcattg ctcgagcggc 60

cgccagtg atggatatct gcagaattcg gcttaaca atg ctc tct ctg tcg gat 116
 Met Leu Ser Leu Ser Asp
 1 5
 tca att cga att tct tca cca ttg agc gat tct cgt ctt agt ttt cta 164
 Ser Ile Arg Ile Ser Ser Pro Leu Ser Asp Ser Arg Leu Ser Phe Leu
 10 15 20
 tct caa acc gga agc aga acc agt cgc cag ctt aaa ttt gtt cgc agc 212
 Ser Gln Thr Gly Ser Arg Thr Ser Arg Gln Leu Lys Phe Val Arg Ser
 25 30 35
 cgc cgg gct cga gtt tcg agg tgt aga tgc tca gca acg gag caa ccg 260
 Arg Arg Ala Arg Val Ser Arg Cys Arg Cys Ser Ala Thr Glu Gln Pro
 40 45 50
 cca ccg caa cga cgg aag caa cga ccg gag aag tac aaa cag tcg gag 308
 Pro Pro Gln Arg Arg Lys Gln Arg Pro Glu Lys Tyr Lys Gln Ser Glu
 55 60 65 70
 gaa gag aaa gga atc gat cct gtt gga ttt ctc agc aaa tac ggc att 356
 Glu Glu Lys Gly Ile Asp Pro Val Gly Phe Leu Ser Lys Tyr Gly Ile
 75 80 85
 act cat aaa gcg ttt gct caa ttt ctt cgt gaa aga tat aaa tca ttg 404
 Thr His Lys Ala Phe Ala Gln Phe Leu Arg Glu Arg Tyr Lys Ser Leu
 90 95 100
 aag gac ttg aag gat gaa ata ttg act cgt cat ttc agt ctc aag gag 452
 Lys Asp Leu Lys Asp Glu Ile Leu Thr Arg His Phe Ser Leu Lys Glu
 105 110 115
 atg tct act ggg tat gaa tta atg ggt atg cat cgc aac ata caa cat 500
 Met Ser Thr Gly Tyr Glu Leu Met Gly Met His Arg Asn Ile Gln His
 120 125 130
 cga gtg gat ttc ttg gaa tgg gct cca ggt gct cgc tac tgt gct ctg 548
 Arg Val Asp Phe Leu Glu Trp Ala Pro Gly Ala Arg Tyr Cys Ala Leu
 135 140 145 150
 att ggt gac ttc aat ggg tgg tca aca act ggt aac tgt gcc aga gag 596
 Ile Gly Asp Phe Asn Gly Trp Ser Thr Thr Gly Asn Cys Ala Arg Glu
 155 160 165
 ggt cat ttt ggt cat gac gat tat ggg tat tgg ttt att att ctt gaa 644
 Gly His Phe Gly His Asp Asp Tyr Gly Tyr Trp Phe Ile Ile Leu Glu
 170 175 180

gat aaa tta cgt gaa gga gaa gaa cct gat aaa ttg tat ttt caa cag		692
Asp Lys Leu Arg Glu Gly Glu Glu Pro Asp Lys Leu Tyr Phe Gln Gln		
185	190	195
tac aat tat gcg gag gac tat gat aaa ggt gac acg ggt att acc gtc		740
Tyr Asn Tyr Ala Glu Asp Tyr Asp Lys Gly Asp Thr Gly Ile Thr Val		
200	205	210
gag gaa atc ttt aaa aaa gca aat gat gag tat tgg gaa cct gga gaa		788
Glu Glu Ile Phe Lys Lys Ala Asn Asp Glu Tyr Trp Glu Pro Gly Glu		
215	220	225
		230
gat cgc ttc att aaa tca cgt tat gag gtg gca gca aag tta tat gag		836
Asp Arg Phe Ile Lys Ser Arg Tyr Glu Val Ala Ala Lys Leu Tyr Glu		
235	240	245
gaa atg ttc gga cca aat gga cctcaa aca gaa gag gaa cta gaa gca		884
Glu Met Phe Gly Pro Asn Gly Pro Gln Thr Glu Glu Glu Leu Glu Ala		
250	255	260
atg cct gat gca gct aca cga tac aaa act tgg aaa gag caa caa aaa		932
Met Pro Asp Ala Ala Thr Arg Tyr Lys Thr Trp Lys Glu Gln Gln Lys		
265	270	275
aag gat ccg gca agc aat ttg cca tcg tat gat gtg gta gat agt gga		980
Lys Asp Pro Ala Ser Asn Leu Pro Ser Tyr Asp Val Val Asp Ser Gly		
280	285	290
aaa gaa tat gat att tac aat att ata ggt gat cct gaa tcg ttt aag		1028
Lys Glu Tyr Asp Ile Tyr Asn Ile Ile Gly Asp Pro Glu Ser Phe Lys		
295	300	305
		310
aaa ttt cgt atg aaa cag cct cct att gct tac tgg tta gaa act aaa		1076
Lys Phe Arg Met Lys Gln Pro Pro Ile Ala Tyr Trp Leu Glu Thr Lys		
315	320	325
aag gga agg aaa ggc tgg tta cag aaa tat atg cct gct tta cct cat		1124
Lys Gly Arg Lys Gly Trp Leu Gln Lys Tyr Met Pro Ala Leu Pro His		
330	335	340
gga agc aaa cac agg gtg tat ttt aac aca cca aat ggg cct ctt gaa		1172
Gly Ser Lys His Arg Val Tyr Phe Asn Thr Pro Asn Gly Pro Leu Glu		
345	350	355
cga gtt cct gcg tgg gcc aat ttt gtc att cca gat gca gac ggg atg		1220
Arg Val Pro Ala Trp Ala Asn Phe Val Ile Pro Asp Ala Asp Gly Met		
360	365	370

gca tta gca gtc cat tgg gaa cca cct cct gaa tat gct tat aaa tgg Ala Leu Ala Val His Trp Glu Pro Pro Pro Glu Tyr Ala Tyr Lys Trp	375	380	385	390	1268
aaa cac aag cta cca gtc aag cct aag tcc ttg cgc ata tat gaa tgt Lys His Lys Leu Pro Val Lys Pro Lys Ser Leu Arg Ile Tyr Glu Cys	395	400	405		1316
cat gtt ggc atc tct ggc cag gaa cca aaa gtt tca tct ttc aat gat His Val Gly Ile Ser Gly Gln Glu Pro Lys Val Ser Ser Phe Asn Asp	410	415	420		1364
ttt att agc aag gtc ctt ccg cat gta aaa gaa gct gga tac aat gca Phe Ile Ser Lys Val Leu Pro His Val Lys Glu Ala Gly Tyr Asn Ala	425	430	435		1412
acg caa att att gga gtt gtt gag cac aag gat tat ttc act gtt gga Thr Gln Ile Ile Gly Val Val Glu His Lys Asp Tyr Phe Thr Val Gly	440	445	450		1460
tat aga gtg acc aat ttt tat gct gtt agt agc cgt tat ggc aca ccg Tyr Arg Val Thr Asn Phe Tyr Ala Val Ser Ser Arg Tyr Gly Thr Pro	455	460	465	470	1508
gat gac ttc aag cgc ttg gtt gat gaa gca cat ggg ctt gga ctg ctt Asp Asp Phe Lys Arg Leu Val Asp Glu Ala His Gly Leu Gly Leu Leu	475	480	485		1556
gtc ttt ttg gag att gtg cac tcc tat gca gca gca gat gaa atg gtt Val Phe Leu Glu Ile Val His Ser Tyr Ala Ala Ala Asp Glu Met Val	490	495	500		1604
ggg tta tct ctt ttt gat gga gca aat gat tgc tat ttc cac act ggt Gly Leu Ser Leu Phe Asp Gly Ala Asn Asp Cys Tyr Phe His Thr Gly	505	510	515		1652
aaa cgt gga cac cac aaa ttc tgg ggc aca cgg atg ttc aaa tat gga Lys Arg Gly His His Lys Phe Trp Gly Thr Arg Met Phe Lys Tyr Gly	520	525	530		1700
gat cct gat gtt ctg cac ttt ctt tca aat ctg aac tgg tgg gtg Asp Pro Asp Val Leu His Phe Leu Leu Ser Asn Leu Asn Trp Trp Val	535	540	545	550	1748
gag gag tat cat gtc gat ggc ttc cat ttt cat tcg ctc tcg tcc atg Glu Glu Tyr His Val Asp Gly Phe His Phe His Ser Leu Ser Ser Met	555	560	565		1796

ttg tat acg cat aat gga ttt gct tca ttt act ggt gac atg gat gaa			1844
Leu Tyr Thr His Asn Gly Phe Ala Ser Phe Thr Gly Asp Met Asp Glu			
570	575	580	
 tac tgt aac caa tat gtt gac aag gag gcc tta ttg tac ctc ata tta			1892
Tyr Cys Asn Gln Tyr Val Asp Lys Glu Ala Leu Leu Tyr Leu Ile Leu			
585	590	595	
 gca aat gaa gta tta cat gct ctt cat cct aat gtg atc acg att gct			1940
Ala Asn Glu Val Leu His Ala Leu His Pro Asn Val Ile Thr Ile Ala			
600	605	610	
 gtg gat gca act ctg tat cct gga ctc tgc gat cca aca tct caa ggt			1988
Val Asp Ala Thr Leu Tyr Pro Gly Leu Cys Asp Pro Thr Ser Gln Gly			
615	620	625	630
 gga ctg ggc ttt gat tat ttt gcc aat ctt tct gcc tca gag atg tgg			2036
Gly Leu Gly Phe Asp Tyr Phe Ala Asn Leu Ser Ala Ser Glu Met Trp			
635	640	645	
 ctt gca tta ctt gaa aat act cct gat cat gaa tgg tgc atg agt aag			2084
Leu Ala Leu Leu Glu Asn Thr Pro Asp His Glu Trp Cys Met Ser Lys			
650	655	660	
 att gtt agc aca tta gtg ggc gat aga caa aat act gat aaa atg ctt			2132
Ile Val Ser Thr Leu Val Gly Asp Arg Gln Asn Thr Asp Lys Met Leu			
665	670	675	
 ttg tat gca gaa aat cac aac cag tcc att tct gga ggt cgt tcc ttc			2180
Leu Tyr Ala Glu Asn His Asn Gln Ser Ile Ser Gly Gly Arg Ser Phe			
680	685	690	
 gca gaa ata ctg att ggt aac tcc ttg ggg aaa tct tcc ata tca caa			2228
Ala Glu Ile Leu Ile Gly Asn Ser Leu Gly Lys Ser Ser Ile Ser Gln			
695	700	705	710
 gag tca tta ctt aga ggc tgc tcg tta cac aag atg atc aga tta att			2276
Glu Ser Leu Leu Arg Gly Cys Ser Leu His Lys Met Ile Arg Leu Ile			
715	720	725	
 aca tct aca att ggt ggt cat gca tac ctc aac ttc atg ggc aat gaa			2324
Thr Ser Thr Ile Gly Gly His Ala Tyr Leu Asn Phe Met Gly Asn Glu			
730	735	740	
 ttt ggt cac cca aag aga gta gag ttt cca atg tca agc aac aat ttc			2372
Phe Gly His Pro Lys Arg Val Glu Phe Pro Met Ser Ser Asn Asn Phe			
745	750	755	

tcc ttt tca ctg gct aac cgt cgc tgg gat cta ttg gaa gat gtt gta	2420		
Ser Phe Ser Leu Ala Asn Arg Arg Trp Asp Leu Leu Glu Asp Val Val			
760	765	770	
cat tat caa tta ttc tca ttt gat aag gat atg atg gac ttg gat aaa	2468		
His Tyr Gln Leu Phe Ser Phe Asp Lys Asp Met Met Asp Leu Asp Lys			
775	780	785	790
aat ggg aga att ttg tcc aga ggt ctt gcc aac att cac cat gtc aat	2516		
Asn Gly Arg Ile Leu Ser Arg Gly Leu Ala Asn Ile His His Val Asn			
795	800	805	
gat act acc atg gtg att tct tac ttg aga ggt ccc aat ctc ttt gtg	2564		
Asp Thr Thr Met Val Ile Ser Tyr Leu Arg Gly Pro Asn Leu Phe Val			
810	815	820	
ttc aac ttt cat cct gtc aat tca tat gaa aga tac att ata ggt gtg	2612		
Phe Asn Phe His Pro Val Asn Ser Tyr Glu Arg Tyr Ile Ile Gly Val			
825	830	835	
gaa gaa gct gga gag tat caa gtc aca tta aat aca gat gaa aac aag	2660		
Glu Glu Ala Gly Glu Tyr Gln Val Thr Leu Asn Thr Asp Glu Asn Lys			
840	845	850	
tat ggt ggt aga gga cta ctt ggc cat gat cag aat act caa aga acc	2708		
Tyr Gly Arg Gly Leu Leu Gly His Asp Gln Asn Thr Gln Arg Thr			
855	860	865	870
att agt aga aga gct gat gga atg aga ttt tgc ttg gaa gta cct ctg	2756		
Ile Ser Arg Arg Ala Asp Gly Met Arg Phe Cys Leu Glu Val Pro Leu			
875	880	885	
cca agt aga agt gct cag gtc tac aag ttg acc cga att cta aga gca	2804		
Pro Ser Arg Ser Ala Gln Val Tyr Lys Leu Thr Arg Ile Leu Arg Ala			
890	895	900	
tgatcactct agcaatcaaa gtgcctcata tgatcacaca aaagggagg ttctacattg	2864		
cccttataact gaccaatatt gtggcatttc cgaggtgagt ttctgtgatt cttgagcaca	2924		
ggctgttggc tagtcagtta tcatgaactt ttgccttcag catctggata agcgcttctc	2984		
ctgtgcaatg agggcatgga cgaardttt ttggttcgtc atgggagtca aaagcatctg	3044		
ccagattaag attcacagg cctcgagtaa aaccatcaact tacttaggat acacaaacac	3104		
atcaacgggg tgcaggctct gataccttct aaagtgaagc cgaattccag cacactggcg	3164		

gccgttacta gtggatccga gctcggtacc aagcttggcg

3204

<210> 4

<211> 902

<212> PRT

<213> Solanum tuberosum

<400> 4

Met Leu Ser Leu Ser Asp Ser Ile Arg Ile Ser Ser Pro Leu Ser Asp
1 5 10 15

Ser Arg Leu Ser Phe Leu Ser Gln Thr Gly Ser Arg Thr Ser Arg Gln
20 25 30

Leu Lys Phe Val Arg Ser Arg Arg Ala Arg Val Ser Arg Cys Arg Cys
35 40 45

Ser Ala Thr Glu Gln Pro Pro Pro Gln Arg Arg Lys Gln Arg Pro Glu
50 55 60

Lys Tyr Lys Gln Ser Glu Glu Lys Gly Ile Asp Pro Val Gly Phe
65 70 75 80

Leu Ser Lys Tyr Gly Ile Thr His Lys Ala Phe Ala Gln Phe Leu Arg
85 90 95

Glu Arg Tyr Lys Ser Leu Lys Asp Leu Lys Asp Glu Ile Leu Thr Arg
100 105 110

His Phe Ser Leu Lys Glu Met Ser Thr Gly Tyr Glu Leu Met Gly Met
115 120 125

His Arg Asn Ile Gln His Arg Val Asp Phe Leu Glu Trp Ala Pro Gly
130 135 140

Ala Arg Tyr Cys Ala Leu Ile Gly Asp Phe Asn Gly Trp Ser Thr Thr
145 150 155 160

Gly Asn Cys Ala Arg Glu Gly His Phe Gly His Asp Asp Tyr Gly Tyr
165 170 175

Trp Phe Ile Ile Leu Glu Asp Lys Leu Arg Glu Gly Glu Pro Asp
180 185 190

Lys Leu Tyr Phe Gln Gln Tyr Asn Tyr Ala Glu Asp Tyr Asp Lys Gly
195 200 205

Asp Thr Gly Ile Thr Val Glu Glu Ile Phe Lys Lys Ala Asn Asp Glu
210 215 220

Tyr Trp Glu Pro Gly Glu Asp Arg Phe Ile Lys Ser Arg Tyr Glu Val
225 230 235 240

Ala Ala Lys Leu Tyr Glu Glu Met Phe Gly Pro Asn Gly Pro Gln Thr
245 250 255

Glu Glu Glu Leu Glu Ala Met Pro Asp Ala Ala Thr Arg Tyr Lys Thr
260 265 270

Trp Lys Glu Gln Gln Lys Lys Asp Pro Ala Ser Asn Leu Pro Ser Tyr
275 280 285

Asp Val Val Asp Ser Gly Lys Glu Tyr Asp Ile Tyr Asn Ile Ile Gly
290 295 300

Asp Pro Glu Ser Phe Lys Lys Phe Arg Met Lys Gln Pro Pro Ile Ala
305 310 315 320

Tyr Trp Leu Glu Thr Lys Lys Gly Arg Lys Gly Trp Leu Gln Lys Tyr
325 330 335

Met Pro Ala Leu Pro His Gly Ser Lys His Arg Val Tyr Phe Asn Thr
340 345 350

Pro Asn Gly Pro Leu Glu Arg Val Pro Ala Trp Ala Asn Phe Val Ile
355 360 365

Pro Asp Ala Asp Gly Met Ala Leu Ala Val His Trp Glu Pro Pro Pro
370 375 380

Glu Tyr Ala Tyr Lys Trp Lys His Lys Leu Pro Val Lys Pro Lys Ser
385 390 395 400

Leu Arg Ile Tyr Glu Cys His Val Gly Ile Ser Gly Gln Glu Pro Lys
405 410 415

Val Ser Ser Phe Asn Asp Phe Ile Ser Lys Val Leu Pro His Val Lys
420 425 430

Glu Ala Gly Tyr Asn Ala Thr Gln Ile Ile Gly Val Val Glu His Lys
435 440 445

-Asp Tyr Phe Thr Val Gly Tyr Arg Val Thr Asn Phe Tyr Ala Val Ser
450 455 460

Ser Arg Tyr Gly Thr Pro Asp Asp Phe Lys Arg Leu Val Asp Glu Ala
465 470 475 480

His Gly Leu Gly Leu Leu Val Phe Leu Glu Ile Val His Ser Tyr Ala
485 490 495

Ala Ala Asp Glu Met Val Gly Leu Ser Leu Phe Asp Gly Ala Asn Asp
500 505 510

Cys Tyr Phe His Thr Gly Lys Arg Gly His His Lys Phe Trp Gly Thr
515 520 525

Arg Met Phe Lys Tyr Gly Asp Pro Asp Val Leu His Phe Leu Leu Ser
530 535 540

Asn Leu Asn Trp Trp Val Glu Glu Tyr His Val Asp Gly Phe His Phe
545 550 555 560

His Ser Leu Ser Ser Met Leu Tyr Thr His Asn Gly Phe Ala Ser Phe
565 570 575

Thr Gly Asp Met Asp Glu Tyr Cys Asn Gln Tyr Val Asp Lys Glu Ala
580 585 590

Leu Leu Tyr Leu Ile Leu Ala Asn Glu Val Leu His Ala Leu His Pro
595 600 605

Asn Val Ile Thr Ile Ala Val Asp Ala Thr Leu Tyr Pro Gly Leu Cys
610 615 620

Asp Pro Thr Ser Gln Gly Gly Leu Gly Phe Asp Tyr Phe Ala Asn Leu
625 630 635 640

Ser Ala Ser Glu Met Trp Leu Ala Leu Leu Glu Asn Thr Pro Asp His
645 650 655

Glu Trp Cys Met Ser Lys Ile Val Ser Thr Leu Val Gly Asp Arg Gln
660 665 670

Asn Thr Asp Lys Met Leu Leu Tyr Ala Glu Asn His Asn Gln Ser Ile
675 680 685

Ser Gly Gly Arg Ser Phe Ala Glu Ile Leu Ile Gly Asn Ser Leu Gly
690 695 700

Lys Ser Ser Ile Ser Gln Glu Ser Leu Leu Arg Gly Cys Ser Leu His
705 710 715 720

Lys Met Ile Arg Leu Ile Thr Ser Thr Ile Gly Gly His Ala Tyr Leu
725 730 735

Asn Phe Met Gly Asn Glu Phe Gly His Pro Lys Arg Val Glu Phe Pro
740 745 750

Met Ser Ser Asn Asn Phe Ser Phe Ser Leu Ala Asn Arg Arg Trp Asp
755 760 765

Leu Leu Glu Asp Val Val His Tyr Gln Leu Phe Ser Phe Asp Lys Asp
770 775 780

Met Met Asp Leu Asp Lys Asn Gly Arg Ile Leu Ser Arg Gly Leu Ala
785 790 795 800

Asn Ile His His Val Asn Asp Thr Thr Met Val Ile Ser Tyr Leu Arg
805 810 815

Gly Pro Asn Leu Phe Val Phe Asn Phe His Pro Val Asn Ser Tyr Glu
820 825 830

Arg Tyr Ile Ile Gly Val Glu Glu Ala Gly Glu Tyr Gln Val Thr Leu
835 840 845

Asn Thr Asp Glu Asn Lys Tyr Gly Gly Arg Gly Leu Leu Gly His Asp
850 855 860

Gln Asn Thr Gln Arg Thr Ile Ser Arg Arg Ala Asp Gly Met Arg Phe
865 870 875 880

Cys Leu Glu Val Pro Leu Pro Ser Arg Ser Ala Gln Val Tyr Lys Leu
885 890 895

Thr Arg Ile Leu Arg Ala
900

<210> 5
<211> 3047
<212> DNA
<213> Solanum tuberosum

<220>
<221> CDS
<222> (5)..(2710)

<400> 5

aaca atg ctc tct ctg tcg gat tca att cga att tct tca cca ttg agc	49		
Met Leu Ser Leu Ser Asp Ser Ile Arg Ile Ser Ser Pro Leu Ser			
1	5	10	15
 gat tct cgt ctt agt ttt cta tct caa acc gga agc aga acc agt cgc	97		
Asp Ser Arg Leu Ser Phe Leu Ser Gln Thr Gly Ser Arg Thr Ser Arg			
20	25	30	
 cag ctt aaa ttt gtt cgc agc cgc cgg gct cga gtt tcg agg tgt aga	145		
Gln Leu Lys Phe Val Arg Ser Arg Arg Ala Arg Val Ser Arg Cys Arg			
35	40	45	
 tgc tca gca acg gag caa ccg cca ccg caa cga cgg aag caa cga ccg	193		
Cys Ser Ala Thr Glu Gln Pro Pro Gln Arg Arg Lys Gln Arg Pro			
50	55	60	
 gag aag tac aaa cag tcg gag gaa ggg aaa gga atc gat cct gtt gga	241		
Glu Lys Tyr Lys Gln Ser Glu Glu Gly Lys Gly Ile Asp Pro Val Gly			
65	70	75	
 ttt ctc agc aaa tac ggc att act cat aaa gcg ttt gct caa ttt ctt	289		
Phe Leu Ser Lys Tyr Gly Ile Thr His Lys Ala Phe Ala Gln Phe Leu			
80	85	90	95
 cgt gaa aga tat aaa tca ttg aag gac ttg aag gat gaa ata ttg act	337		
Arg Glu Arg Tyr Lys Ser Leu Lys Asp Leu Lys Asp Glu Ile Leu Thr			
100	105	110	
 cgt cat ttc agt ctc aag gag atg tct act ggg tat gaa tta atg ggt	385		
Arg His Phe Ser Leu Lys Glu Met Ser Thr Gly Tyr Glu Leu Met Gly			
115	120	125	
 atg cat cgc aac ata caa cat cga gtg gat ttc ttg gaa tgg gct cca	433		
Met His Arg Asn Ile Gln His Arg Val Asp Phe Leu Glu Trp Ala Pro			
130	135	140	
 ggg gct cgc tac tgt gct ctg att ggt gac ttc aat ggg tgg tca aca	481		
Gly Ala Arg Tyr Cys Ala Leu Ile Gly Asp Phe Asn Gly Trp Ser Thr			
145	150	155	
 act ggt aac tgt gcc aga gag ggt cat ttt ggt cat gac gat tat ggg	529		
Thr Gly Asn Cys Ala Arg Glu Gly His Phe Gly His Asp Asp Tyr Gly			
160	165	170	175
 tat tgg ttt att att ctt gaa gat aaa tta cgt gaa gga gaa gaa cct	577		
Tyr Trp Phe Ile Ile Leu Glu Asp Lys Leu Arg Glu Gly Glu Glu Pro			
180	185	190	

gat aaa ttg tat ttt caa cag tac aat tat gcg gag gac tat ggt aaa			625
Asp Lys Leu Tyr Phe Gln Gln Tyr Asn Tyr Ala Glu Asp Tyr Gly Lys			
195	200	205	
ggt gac acg ggt att acc gtc gag gaa atc ttt aaa aaa gca aat gat			673
Gly Asp Thr Gly Ile Thr Val Glu Glu Ile Phe Lys Lys Ala Asn Asp			
210	215	220	
gag tat tgg gaa cct gga gaa gat cgc ttc att aaa tca cgt tat gag			721
Glu Tyr Trp Glu Pro Gly Glu Asp Arg Phe Ile Lys Ser Arg Tyr Glu			
225	230	235	
gtg gca gca aag tta tat gag gaa atg ttc gga cca aat gga cct caa			769
Val Ala Ala Lys Leu Tyr Glu Glu Met Phe Gly Pro Asn Gly Pro Gln			
240	245	250	255
aca gaa gag gaa cta gaa gca atg cct gat gca gct aca cga tac aaa			817
Thr Glu Glu Glu Leu Glu Ala Met Pro Asp Ala Ala Thr Arg Tyr Lys			
260	265	270	
act tgg aaa gag caa caa aaa gag gat ccg gca agc aat ttg cca tcg			865
Thr Trp Lys Glu Gln Gln Lys Glu Asp Pro Ala Ser Asn Leu Pro Ser			
275	280	285	
tat gat gtg gta gat agt gga aaa gaa tat gat att tac aat att ata			913
Tyr Asp Val Val Asp Ser Gly Lys Glu Tyr Asp Ile Tyr Asn Ile Ile			
290	295	300	
ggt gat cct gaa tcg ttt aag aaa ttt cgt atg aaa cag cct cct att			961
Gly Asp Pro Glu Ser Phe Lys Lys Phe Arg Met Lys Gln Pro Pro Ile			
305	310	315	
gct tac tgg tta gaa act aaa aag gga agg aaa ggc tgg tta cag aaa			1009
Ala Tyr Trp Leu Glu Thr Lys Lys Gly Arg Lys Gly Trp Leu Gln Lys			
320	325	330	335
tat atg cct gct tta cct cat gga agc aaa tac agg gtg tat ttt aac			1057
Tyr Met Pro Ala Leu Pro His Gly Ser Lys Tyr Arg Val Tyr Phe Asn			
340	345	350	
aca cca aat ggg cct ctt gaa cga gtt cct gcg tgg gcc aat ttt gtc			1105
Thr Pro Asn Gly Pro Leu Glu Arg Val Pro Ala Trp Ala Asn Phe Val			
355	360	365	
att cca gat gca ggc ggg atg gca tta gca gtc cat tgg gaa cca cct			1153
Ile Pro Asp Ala Gly Gly Met Ala Leu Ala Val His Trp Glu Pro Pro			
370	375	380	

cct gaa tat gct tat aaa tgg aaa cac aag cta cca gtc aag cct aag		1201	
Pro Glu Tyr Ala Tyr Lys Trp Lys His Lys Leu Pro Val Lys Pro Lys			
385	390	395	
tcc ttg cgc ata tat gaa tgt cat gtt ggc atc tct ggc cag gaa cca		1249	
Ser Leu Arg Ile Tyr Glu Cys His Val Gly Ile Ser Gly Gln Glu Pro			
400	405	410	415
aaa gtt tca tct ttc aat gat ttt att agc aag gtc ctt ccg cat gta		1297	
Lys Val Ser Ser Phe Asn Asp Phe Ile Ser Lys Val Leu Pro His Val			
420	425	430	
aaa gaa gct gga tac aat gca ata caa att att gga gtt gtt gag cac		1345	
Lys Glu Ala Gly Tyr Asn Ala Ile Gln Ile Ile Gly Val Val Glu His			
435	440	445	
aag gat tat ttc act gtt gga tat aga gtg acc aat ttt tat gct gtt		1393	
Lys Asp Tyr Phe Thr Val Gly Tyr Arg Val Thr Asn Phe Tyr Ala Val			
450	455	460	
agt agc cgt tat ggc aca ccg gat gac ttc aag cgc ttg gtt gat gaa		1441	
Ser Ser Arg Tyr Gly Thr Pro Asp Asp Phe Lys Arg Leu Val Asp Glu			
465	470	475	
gca cat ggg ctt gga ctg ctt gtc ttt ttg gag att gtg cac tct tat		1489	
Ala His Gly Leu Gly Leu Leu Val Phe Leu Glu Ile Val His Ser Tyr			
480	485	490	495
gca gca gca gat gaa atg gtt ggg tta tct ctt ttt gat gga gca aat		1537	
Ala Ala Ala Asp Glu Met Val Gly Leu Ser Leu Phe Asp Gly Ala Asn			
500	505	510	
gat tgc tat ttc cac act ggt aaa cgt gga cac cac aaa ttc tgg ggc		1585	
Asp Cys Tyr Phe His Thr Gly Lys Arg Gly His His Lys Phe Trp Gly			
515	520	525	
aca cgg atg ttc aaa tat gga gat ctt gat gtt ctg cac ttt ctt ctt		1633	
Thr Arg Met Phe Lys Tyr Gly Asp Leu Asp Val Leu His Phe Leu Leu			
530	535	540	
tca aat ctg aac tgg tgg gtg gag gag tat cat gtc gat ggc ttc cat		1681	
Ser Asn Leu Asn Trp Trp Val Glu Glu Tyr His Val Asp Gly Phe His			
545	550	555	
ttt cat tcg ctc tcg tcc atg ttg tat acg cat aat gga ttt gct tca		1729	
Phe His Ser Leu Ser Ser Met Leu Tyr Thr His Asn Gly Phe Ala Ser			
560	565	570	575

ttt act ggt gac atg gat gaa tac tgt aac caa tat gtt gac aag gag Phe Thr Gly Asp Met Asp Glu Tyr Cys Asn Gln Tyr Val Asp Lys Glu	580	585	590	1777	
gcc tta ttg tac ctc ata tta gca aat gaa gta tta cat gct ctt cat Ala Leu Leu Tyr Leu Ile Leu Ala Asn Glu Val Leu His Ala Leu His	595	600	605	1825	
cct aat gtg atc acg att gct gag gat gca act ctg tat cct gga ctc Pro Asn Val Ile Thr Ile Ala Glu Asp Ala Thr Leu Tyr Pro Gly Leu	610	615	620	1873	
tgc gat cca aca tct caa ggt gga ctg ggc ttt gat tat ttt gcc aat Cys Asp Pro Thr Ser Gln Gly Leu Gly Phe Asp Tyr Phe Ala Asn	625	630	635	1921	
ctt tct gcc tca gag atg tgg ctt gca tta ctt gaa aat act cct gat Leu Ser Ala Ser Glu Met Trp Leu Ala Leu Leu Glu Asn Thr Pro Asp	640	645	650	655	1969
cat gaa tgg tgc atg agt aag att gtt agc aca tta gtg ggc gat aga His Glu Trp Cys Met Ser Lys Ile Val Ser Thr Leu Val Gly Asp Arg	660	665	670		2017
caa aat act gat aaa atg ctt ttg tat gca gaa aat cac aac cag tcc Gln Asn Thr Asp Lys Met Leu Leu Tyr Ala Glu Asn His Asn Gln Ser	675	680	685		2065
att tct gga ggt cgt tcc ttc gca gaa ata ctg att ggt aac tcc ttg Ile Ser Gly Gly Arg Ser Phe Ala Glu Ile Leu Ile Gly Asn Ser Leu	690	695	700		2113
ggg aaa tcc tcc ata tca caa gag tca tta ctt aga ggc tgc tcg tta Gly Lys Ser Ser Ile Ser Gln Glu Ser Leu Leu Arg Gly Cys Ser Leu	705	710	715		2161
cac aag atg atc aga tta att aca tct aca att ggt ggt cat gca tac His Lys Met Ile Arg Leu Ile Thr Ser Thr Ile Gly Gly His Ala Tyr	720	725	730	735	2209
ctc aac ttc atg ggc aat gaa ttt ggt cac cca aag aga gta gag ttt Leu Asn Phe Met Gly Asn Glu Phe Gly His Pro Lys Arg Val Glu Phe	740	745	750		2257
cca atg tca agc aac aat ttc tcc ttt tca ctg gct aac cgt cgc tgg Pro Met Ser Ser Asn Asn Phe Ser Phe Ser Leu Ala Asn Arg Arg Trp	755	760	765		2305

gat cta ttg gaa gat gtt gta cat tat caa ttg ttc tca ttt gat aag 2353
 Asp Leu Leu Glu Asp Val Val His Tyr Gln Leu Phe Ser Phe Asp Lys
 770 775 780

ggt atg atg gac ttg gat aaa aat ggg aga att ttg tcc aga ggt ctt 2401
 Gly Met Met Asp Leu Asp Lys Asn Gly Arg Ile Leu Ser Arg Gly Leu
 785 790 795

gcc aac att cac cat gtc aat gat act acc atg gtg att tct tac ttg 2449
 Ala Asn Ile His His Val Asn Asp Thr Thr Met Val Ile Ser Tyr Leu
 800 805 810 815

aga ggt ccc aat ctc ttt gtg ttc aac ttt cat cct gtc aat tca tat 2497
 Arg Gly Pro Asn Leu Phe Val Phe Asn Phe His Pro Val Asn Ser Tyr
 820 825 830

gaa aga tac att ata ggt gtg gaa gaa gct gga gag tat caa gtc aca 2545
 Glu Arg Tyr Ile Ile Gly Val Glu Ala Gly Glu Tyr Gln Val Thr
 835 840 845

tta aat aca gat gaa aac aag tat ggt ggt aga gga cta ctt ggc cat 2593
 Leu Asn Thr Asp Glu Asn Lys Tyr Gly Arg Gly Leu Leu Gly His
 850 855 860

gat cag aat att caa aga acc att agt aga aga gct gat gga atg aga 2641
 Asp Gln Asn Ile Gln Arg Thr Ile Ser Arg Arg Ala Asp Gly Met Arg
 865 870 875

ttt tgc ttg gaa gtg cct ctg cca agt aga agt gct cag gtc tac aag 2689
 Phe Cys Leu Glu Val Pro Leu Pro Ser Arg Ser Ala Gln Val Tyr Lys
 880 885 890 895

ttg acc cga att cta aga gca tgatcactct agtaatcaaa gtgcctcata 2740
 Leu Thr Arg Ile Leu Arg Ala
 900

tgatgacaca aaaggaaagg ttctacattg cccttacact gatcaatatt gacacccccc 2800

cgaggtgagt ttctgtgatt cttgagcaga ctgttgctt gtcattttc atgaactttt 2860

gccttcagca tccggatagt cgcttctcct gtgcaatgag ggcattggacg aattttttt 2920

tggcttgtca tgggggtcat aagcatccgc cagattaaga tttcacaggg ctcgagtaaa 2980

accatcaattt actttaagga tacacaaaca caccaacggg gtgcaggctc tgataccttc 3040

taaagtg 3047

<210> 6
<211> 902
<212> PRT
<213> Solanum tuberosum

<400> 6

Met	Leu	Ser	Leu	Ser	Asp	Ser	Ile	Arg	Ile	Ser	Ser	Pro	Leu	Ser	Asp
1					5					10					15

Ser Arg Leu Ser Phe Leu Ser Gln Thr Gly Ser Arg Thr Ser Arg Gln

	20			25									30	
--	----	--	--	----	--	--	--	--	--	--	--	--	----	--

Leu Lys Phe Val Arg Ser Arg Arg Ala Arg Val Ser Arg Cys Arg Cys

	35			40								45	
--	----	--	--	----	--	--	--	--	--	--	--	----	--

Ser Ala Thr Glu Gln Pro Pro Pro Gln Arg Arg Lys Gln Arg Pro Glu

	50			55							60	
--	----	--	--	----	--	--	--	--	--	--	----	--

Lys Tyr Lys Gln Ser Glu Glu Gly Lys Gly Ile Asp Pro Val Gly Phe

	65			70				75			80	
--	----	--	--	----	--	--	--	----	--	--	----	--

Leu Ser Lys Tyr Gly Ile Thr His Lys Ala Phe Ala Gln Phe Leu Arg

	85			90				95		
--	----	--	--	----	--	--	--	----	--	--

Glu Arg Tyr Lys Ser Leu Lys Asp Leu Lys Asp Glu Ile Leu Thr Arg

	100			105				110		
--	-----	--	--	-----	--	--	--	-----	--	--

His Phe Ser Leu Lys Glu Met Ser Thr Gly Tyr Glu Leu Met Gly Met

	115			120				125		
--	-----	--	--	-----	--	--	--	-----	--	--

His Arg Asn Ile Gln His Arg Val Asp Phe Leu Glu Trp Ala Pro Gly

	130			135				140		
--	-----	--	--	-----	--	--	--	-----	--	--

Ala Arg Tyr Cys Ala Leu Ile Gly Asp Phe Asn Gly Trp Ser Thr Thr

	145			150			155			160	
--	-----	--	--	-----	--	--	-----	--	--	-----	--

Gly Asn Cys Ala Arg Glu Gly His Phe Gly His Asp Asp Tyr Gly Tyr

	165			170			175		
--	-----	--	--	-----	--	--	-----	--	--

Trp Phe Ile Ile Leu Glu Asp Lys Leu Arg Glu Gly Glu Glu Pro Asp

	180			185			190		
--	-----	--	--	-----	--	--	-----	--	--

Lys Leu Tyr Phe Gln Gln Tyr Asn Tyr Ala Glu Asp Tyr Gly Lys Gly

	195			200			205		
--	-----	--	--	-----	--	--	-----	--	--

Asp Thr Gly Ile Thr Val Glu Glu Ile Phe Lys Lys Ala Asn Asp Glu

	210			215			220		
--	-----	--	--	-----	--	--	-----	--	--

Tyr	Trp	Glu	Pro	Gly	Glu	Asp	Arg	Phe	Ile	Lys	Ser	Arg	Tyr	Glu	Val
225															240
Ala Ala Lys Leu Tyr Glu Glu Met Phe Gly Pro Asn Gly Pro Gln Thr															
	245									250				255	
Glu Glu Glu Leu Glu Ala Met Pro Asp Ala Ala Thr Arg Tyr Lys Thr															
	260							265					270		
Trp Lys Glu Gln Gln Lys Glu Asp Pro Ala Ser Asn Leu Pro Ser Tyr															
	275							280					285		
Asp Val Val Asp Ser Gly Lys Glu Tyr Asp Ile Tyr Asn Ile Ile Gly															
	290						295					300			
Asp Pro Glu Ser Phe Lys Lys Phe Arg Met Lys Gln Pro Pro Ile Ala															
	305						310				315		320		
Tyr Trp Leu Glu Thr Lys Lys Gly Arg Lys Gly Trp Leu Gln Lys Tyr															
	325						330					335			
Met Pro Ala Leu Pro His Gly Ser Lys Tyr Arg Val Tyr Phe Asn Thr															
	340						345					350			
Pro Asn Gly Pro Leu Glu Arg Val Pro Ala Trp Ala Asn Phe Val Ile															
	355						360					365			
Pro Asp Ala Gly Gly Met Ala Leu Ala Val His Trp Glu Pro Pro Pro															
	370						375					380			
Glu Tyr Ala Tyr Lys Trp Lys His Lys Leu Pro Val Lys Pro Lys Ser															
	385						390					395		400	
Leu Arg Ile Tyr Glu Cys His Val Gly Ile Ser Gly Gln Glu Pro Lys															
	405						410					415			
Val Ser Ser Phe Asn Asp Phe Ile Ser Lys Val Leu Pro His Val Lys															
	420						425					430			
Glu Ala Gly Tyr Asn Ala Ile Gln Ile Ile Gly Val Val Glu His Lys															
	435						440					445			
Asp Tyr Phe Thr Val Gly Tyr Arg Val Thr Asn Phe Tyr Ala Val Ser															
	450						455					460			
Ser Arg Tyr Gly Thr Pro Asp Asp Phe Lys Arg Leu Val Asp Glu Ala															
	465						470					475		480	

His Gly Leu Gly Leu Leu Val Phe Leu Glu Ile Val His Ser Tyr Ala
485 490 495

Ala Ala Asp Glu Met Val Gly Leu Ser Leu Phe Asp Gly Ala Asn Asp
500 505 510

Cys Tyr Phe His Thr Gly Lys Arg Gly His His Lys Phe Trp Gly Thr
515 520 525

Arg Met Phe Lys Tyr Gly Asp Leu Asp Val Leu His Phe Leu Leu Ser
530 535 540

Asn Leu Asn Trp Trp Val Glu Glu Tyr His Val Asp Gly Phe His Phe
545 550 555 560

His Ser Leu Ser Ser Met Leu Tyr Thr His Asn Gly Phe Ala Ser Phe
565 570 575

Thr Gly Asp Met Asp Glu Tyr Cys Asn Gln Tyr Val Asp Lys Glu Ala
580 585 590

Leu Leu Tyr Leu Ile Leu Ala Asn Glu Val Leu His Ala Leu His Pro
595 600 605

Asn Val Ile Thr Ile Ala Glu Asp Ala Thr Leu Tyr Pro Gly Leu Cys
610 615 620

Asp Pro Thr Ser Gln Gly Gly Leu Gly Phe Asp Tyr Phe Ala Asn Leu
625 630 635 640

Ser Ala Ser Glu Met Trp Leu Ala Leu Leu Glu Asn Thr Pro Asp His
645 650 655

Glu Trp Cys Met Ser Lys Ile Val Ser Thr Leu Val Gly Asp Arg Gln
660 665 670

Asn Thr Asp Lys Met Leu Leu Tyr Ala Glu Asn His Asn Gln Ser Ile
675 680 685

Ser Gly Gly Arg Ser Phe Ala Glu Ile Leu Ile Gly Asn Ser Leu Gly
690 695 700

Lys Ser Ser Ile Ser Gln Glu Ser Leu Leu Arg Gly Cys Ser Leu His
705 710 715 720

Lys Met Ile Arg Leu Ile Thr Ser Thr Ile Gly Gly His Ala Tyr Leu
725 730 735

Asn Phe Met Gly Asn Glu Phe Gly His Pro Lys Arg Val Glu Phe Pro
740 745 750

Met Ser Ser Asn Asn Phe Ser Phe Ser Leu Ala Asn Arg Arg Trp Asp
755 760 765

Leu Leu Glu Asp Val Val His Tyr Gln Leu Phe Ser Phe Asp Lys Gly
770 775 780

Met Met Asp Leu Asp Lys Asn Gly Arg Ile Leu Ser Arg Gly Leu Ala
785 790 795 800

Asn Ile His His Val Asn Asp Thr Thr Met Val Ile Ser Tyr Leu Arg
805 810 815

Gly Pro Asn Leu Phe Val Phe Asn Phe His Pro Val Asn Ser Tyr Glu
820 825 830

Arg Tyr Ile Ile Gly Val Glu Glu Ala Gly Glu Tyr Gln Val Thr Leu
835 840 845

Asn Thr Asp Glu Asn Lys Tyr Gly Gly Arg Gly Leu Leu Gly His Asp
850 855 860

Gln Asn Ile Gln Arg Thr Ile Ser Arg Arg Ala Asp Gly Met Arg Phe
865 870 875 880

Cys Leu Glu Val Pro Leu Pro Ser Arg Ser Ala Gln Val Tyr Lys Leu
885 890 895

Thr Arg Ile Leu Arg Ala
900

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- BLACK BORDERS**
- IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**
- FADED TEXT OR DRAWING**
- BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**
- SKEWED/SLANTED IMAGES**
- COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**
- GRAY SCALE DOCUMENTS**
- LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**
- REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**
- OTHER:** _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.